

08-18-00

A

EXPRESS MAIL NO. EL593674690US

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

Application of Walter Birchmeier and Jens-Peter Von Kries

ATTORNEY USER NO.:

Filed on August 17, 2000

For: Means for Therapy of Human Diseases, etc.
(Mittel zur Therapie, etc.)



23622

PATENT TRADEMARK OFFICE

Attorney's Docket 0107-028P

Box New Patent Application - No Fee
Hon. Commissioner of Patents and Trademarks
Washington DC 20231

Sir:

NEW PATENT APPLICATION

Enclosed herewith for filing pursuant to 35 U.S.C. 111 is a continuation of International Application No. PCT/DE99/00554 filed on February 21, 1999, comprising a 46 page application (in German) including specification, 35 claims, an abstract, and 27 sheets of drawing.

The priority of German Patent Application No. 198 07 390.9 filed on February 21, 1998, is hereby claimed, the contents of which are incorporated herein by reference thereto. A certified copy will be filed in due course.

The filing fee and all other documents, including the English translation, will be filed later.

Gabriel P. Katona L.L.P.
708 Third Avenue, 14th Floor
New York, New York 10017

(212) 370-4000 Phone
(212) 370-7336 Fax

Respectfully submitted,

Gabriel P. Katona
Attorney for Applicant
Registration No. 20,829

jc846 U.S. PTO
08/17/00

jc893 U.S. PTO
09/641104
08/17/00

09544304 081700

WO 99/42481

PCT/DE99/00554

MITTEL ZUR THERAPIE VON MENSCHLICHEN ERKRANKUNGEN, AUSGEHEND VON β -CATENIN, SEINE HERSTELLUNG UND SEINE VERWENDUNG

Beschreibung

Die Erfindung betrifft Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen auf der Basis von Substanzen, die die Interaktion von β -Catenin mit Transkriptionsfaktoren und Tumorsuppressor-Genprodukten beeinflussen. Darunter befinden sich von LEF-1-/TCF-4 Transkriptionsfaktoren und von β -Catenin abgeleitete Peptide und ähnliche Moleküle.

Sie betrifft ferner ein Verfahren zur Auffindung solcher Substanzen sowie die Anwendung des Mittels, bevorzugt für die Therapie von Tumoren wie Kolonkarzinomen und Melanomen.

Anwendungsgebiete der Erfindung sind demzufolge die pharmazeutische Industrie und die Medizin.

β -Catenin ist ein zytoplasmisches Protein mit verschiedenen Funktionen in der Zelle. Im Komplex mit den Zelladhäsionsmolekülen der Cadherin-Familie stellt β -Catenin die Verbindung zum Zytoskelett her (Hülsken, J. et al., E-cadherin and APC compete for the interaction with beta-catenin and the cytoskeleton. J-Cell-Biol. 127: 2061-9, 1994). Zusätzlich ist β -Catenin eine Komponente der Wnt-Signaltransduktion, die in der Embryonalentwicklung eine große Rolle spielt. Der Transkriptionsfaktor LEF-1 wurde als Interaktionspartner von β -Catenin in dieser Signalkaskade indentifiziert (Behrens, J. et al., Functional interaction of beta-catenin with the transcription factor LEF-1. Nature, 382: 638-42, 1996). Der Mechanismus der Signaltransduktion durch β -Catenin und LEF-1 ist geklärt: Er besteht in dem durch LEF-1 vermittelten Transport von β -Catenin in den Zellkern. Im Zellkern reguliert dieser Komplex die Genexpression durch die im Komplex veränderte, LEF-1 induzierte DNA-Biegung und durch die carboxy-terminale Transaktivierungsdomäne von β -Catenin. Inzwischen wurde gezeigt, daß auch andere Mitglieder der LEF-1/TCF-Familie von Transkriptionsfaktoren, z.B. TCF-4 diese Signaltransduktion vermitteln können (Korinek, V. et al., Constitutive transcriptional activation by a beta-catenin-Tcf complex in APC-/- colon carcinoma. Science, 275: 1784-87, 1997).

Voraussetzung für diese β -Catenin-abhängige Signaltransduktion ist die Stabilisierung des zytoplasmatischen Pools von freiem, nicht Cadherin-gebundenem β -Catenin. Dieser Pool wird durch die Glykogen-Synthetase-Kinase 3 β , durch das Tumorsuppressor-Genprodukt APC sowie durch Conductin/Axin negativ reguliert.

Für Karzinome und Melanome wurde gezeigt, daß Mutationen im N-Terminus von β -Catenin oder in der β -Catenin-Bindungsdomäne von APC diese Regulation aufheben (Morin, P.J. et al., Activation of beta-catenin-Tcf signaling in colon cancer by mutations in beta-catenin or APC. Science, 275: 1787-90, 1997). Als Konsequenz wird der β -Catenin-Pool stabilisiert. In Melanomen führt diese Stabilisierung zur LEF-1 vermittelten Translokation von β -Catenin in den Zellkern, während in Kolonkarzinomen vor allem TCF-4 diese Funktion erfüllt. Die transkriptionelle Aktivität des Komplexes in Karzinom-Zelllinien wurde durch die Aktivierung eines Reportergens belegt. Darüber hinaus konnte gezeigt werden, daß diese Aktivität in APC-defizienten Kolonkarzinom-Zelllinien nach Wiedereinführung von APC inhibiert wurde.

APC-Mutationen wurden in der überwiegenden Mehrheit von Kolonkarzinomen identifiziert, während nicht APC-defiziente Tumore Mutationen im β -Catenin-Gen aufweisen. Das Resultat dieser Mutationen von APC oder β -Catenin ist die Aktivierung der Signaltransduktion durch den β -Catenin-LEF/TCF-Komplex. Es unterstreicht die Schlüsselrolle von β -Catenin in der Tumorentstehung. Da APC-Mutationen als ein frühes Ereignis in der Entstehung von Kolontumoren identifiziert wurden, ist die Aktivierung des β -Catenin-LEF/TCF-Komplexes wahrscheinlich ein zentraler Schritt in der Tumorentstehung.

Es wurde bereits versucht, die Schlüsselrolle von β -Catenin in der Tumorentstehung für die Entwicklung von Tumortheraeutika auszunutzen. Nahezu zeitgleich wurden in den USA zwei Patentanmeldungen vorgenommen, die inzwischen als WO-Schriften veröffentlicht wurden. In WO 98/41631 (John Hopkins Universität - B. Vogelstein) wird die Beeinflussung von Interaktionen von β -Catenin, TCF-4 und dem Tumorsuppressor-Protein APC mit dem Ziel der Verhinderung von Krebsentstehung beansprucht. Dabei wurde gezeigt, daß Produkte von mutierten APC-Genen, die in Kolorektal-Tumoren nachgewiesen wurden, die β -Catenin/TCF-4-Transkriptionsaktivierung nicht mehr regulieren können. Weiterhin weisen Kolorektal-Tumore mit intakten APC-Genen Aktivierungsmutationen von β -Catenin im N-Terminus auf, was die Funktion der wichtigen Phosphorylierungsorte beeinflusst. Daraus wird abgeleitet, daß die Regulierung von β -Catenin für den Tumorsuppressorwirkung von APC kritisch ist und daß diese Regulierung durch Mutationen in APC oder in β -Catenin umgangen werden kann. Der Hauptanspruch betrifft das intronfreie DNA-Molekül, welches für TCF-4 kodiert.

WO 98/42296 (Onyx Pharmaceuticals Inc. - Rubinfeld) betrifft Zusammensetzungen und Methoden zur Diagnose und zur Behandlung von Krankheiten, die durch β -Catenin/Transkriptionsfaktor-Interaktionen ausgelöst werden. Der Hauptanspruch betrifft das isolierte, stabilisierte β -Catenin und seine Fragmente, solche Fragmente sind allerdings nicht angegeben worden.

Die hier beschriebene Erfindung hat zum einen das Ziel, neue Mittel zur Behandlung von Karzinomen bzw. aberranter Gewebs- und Organentwicklung zur Verfügung zu stellen. Ihr liegt die spezielle Aufgabe zugrunde, die Interaktion von β -Catenin mit LEF/TCF-Transkriptionsfaktoren als Voraussetzung der Translokation und der Aktivität des Komplexes im Zellkern zu beeinflussen. Diese Modulation soll spezifisch sein, d.h. darf mit anderen Interaktionen von β -Catenin (z.B. mit APC, Conductin oder E-cadherin) nicht interferieren. Ein Ziel der Erfindung besteht außerdem darin, ELISA-Verfahren zur Durchmusterung von Substanzbibliotheken zur Auffindung von Molekülen (u. a. Peptiden, organischen Verbindungen) zu entwickeln, die hochspezifisch nur jeweils eine Interaktion des β -Catenin beeinflussen.

Die Erfindung wird gemäß den Ansprüchen realisiert, die Unteransprüche sind Vorzugsvarianten.

In der ersten Realisierung der Erfindung wurden die Bindungsdomänen der LEF/TCF-Transkriptionsfaktoren für β -Catenin identifiziert (Abb.1). Sie sind Ausgangspunkt für die Gewinnung der erfindungsgemäßen Peptide und ähnlicher Moleküle. Diese Peptide bestehen bevorzugt aus 10-20 Aminosäuren langen Sequenzen aus dem N-terminalen Bereich von LEF-1 bzw. TCF-4 (Abb.2). Besonders bevorzugt sind es die Peptide

- bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 11-34 von LEF-1 (Abb.1) folgender Sequenz

GDPELCATDEMIPFKDEGDPQKEK

- bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 14-27 von LEF-1 folgender Sequenz

ELCATDEMIPFKDE

- bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 7-29 von TCF-4 (Abb.2) folgender Sequenz

GGDDLGANDELISFKDEGEQEEK

- bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 10-23 von TCF-4 folgender Sequenz

DLGANDELISFKDE

Bevorzugt sind ferner Peptide, in denen die sauren Aminosäuren im Abstand von 5 Aminosäuren angeordnet und durch hydrophobe und basische Aminosäuren flankiert sind (Abb.2).

Diese Peptide können gemäß der Erfindung für die Tumorthherapie eingesetzt werden, wofür zwei prinzipielle Wege möglich sind.

a) Verwendung der Peptide als solche

Ein direkter Einsatz der Peptide für die Behandlung von Tumoren kommt wegen ihrer Instabilität gegenüber Proteasen und wegen des Mangels an Membranpermeabilität im allgemeinen nicht in Betracht. Eine Stabilisierung erfolgt durch Kopplung mit einem zweiten Peptid, wofür das sog. Antennapedia-Peptid RQIEIWFQNRMEWEE hervorragend geeignet ist. Dieses Peptid ist in der Lage, bis zu 100 Aminosäuren lange angekoppelte Peptide durch Zellmembranen in das Zytoplasma und den Zellkern zu transportieren. Die gekoppelten Peptide können vorteilhaft in der Tumorthherapie eingesetzt werden.

b) Verwendung der Peptide zum Drugdesign (Peptidmimikry).

Die erfindungsgemäßen Peptide dienen auch als Grundlage zum Design von Substanzen, die durch gezielte Modifikation die Stabilität und Wirksamkeit in der Zelle erhöhen ('Peptidomimetics'). Beispielsweise kann das durch Einführen reaktiver Gruppen, Austausch von Aminosäuren oder Einführung nichthydrolysierbarer peptidähnlicher Bindungen erfolgen.

Durch den Austausch des Kohlenstoffgerüsts der Peptide gegen synthetische Kohlenstoffgerüste mit gleicher Anordnung von funktionellen Gruppen kann die Stabilität der Moleküle ebenfalls erhöht werden (Non-Peptidomimetics). Dieses molekulare Mimikry der biologischen Aktivität der von der minimalen Bindungsdomäne von LEF-1/TCF für β -Catenin abgeleiteten inhibitorischen Peptide (Abb.3 und 4) ermöglicht die Produktion potenterer Wirkstoffe für die Tumorthherapie.

In einem zweiten Schritt zur Realisierung der Erfindung wurden die Regionen von β -Catenin identifiziert, die für die spezifischen Bindungen zu LEF-1/TCF-4, APC (20 und 15 Aminosäuren-Repeats enthaltende Domänen), Conductin und E-Cadherin verantwortlich sind. Es wurde gefunden, daß diese Regionen zum Teil überlappen und die Armadillo-Domänen 3-8 von β -Catenin betreffen (Abb.5 und 6). Der Kernpunkt dieses Schritts besteht darin, daß Mutationen von β -Catenin erzeugt wurden, welche spezifische Interaktionen zu einzelnen Partnern verhindern. Es handelt sich im einzelnen um folgende Mutationen, bezogen auf die in der Anlage beschriebene Teilsequenz von β -Catenin (Tab.1):

His 470, Arg 469	Keine Interaktion mit LEF-1/TCF-4
Trp 383	Keine Interaktion mit APC 20aa
Arg 386	Keine Interaktion mit APC 15aa
Phe 253, Arg 274, Trp 338	Keine Interaktion mit Conductin

Damit ist die Möglichkeit gegeben, Peptide und analoge Moleküle zu generieren, die spezifisch die Interaktionen von β -Catenin mit APC, β -Catenin mit Conductin oder β -Catenin mit E-Cadherin hemmen. Diese Moleküle eignen sich ebenso zur Generierung neuer Pharmaka. Dazu werden potentielle Kandidaten für eine cancerostatische Wirksamkeit mit β -Catenin und z. B. LEF-1 unter Bedingungen in Kontakt gebracht (z.B. in einem ELISA), bei denen diese Proteine eine Bindung eingehen. Es wird dann gemessen, in welchem Maße diese Bindung durch die zugesetzte Substanz gehemmt wird.

Die Wnt-Signaltransduktion und ihre Komponenten spielen ebenfalls eine Rolle bei der Entwicklung und Erhaltung von Geweben und Organen, z.B. von bestimmten Regionen des Gehirns, der Extremitäten, der Niere sowie der Haut. Die gewebspezifische Ausschaltung des β -Catenin-Gens in der Maus zeigt, daß β -Catenin für die Entwicklung der Haut und insbesondere der Haare von Bedeutung ist. Dadurch erstreckt sich die Erfindung auch auf Verfahren der Förderung der Haut- und Haarentwicklung durch erhöhte Expression von β -Catenin (oder von stabilerem β -Catenin). Das kann man beispielsweise durch Inhibition der Interaktion mit APC oder Conductin erreichen.

So können erfindungsgemäß spezifische Inhibitoren der β -Catenin /APC- oder der β -Catenin /Conductin-Interaktion genutzt werden, um in Zellen und Geweben erhöhte β -Catenin-Konzentrationen zu erreichen. Ebenso fördert Conductin, das ein analoges Protein zu Axin ist, den Abbau von β -Catenin. Inhibitoren der β -Catenin/APC- und β -Catenin/Conductin-Interaktion kann eingesetzt werden, um in Organentwicklungsvorgänge einzugreifen. Z.B. könnte so die Haarentwicklung beim Menschen lokal gefördert werden.

Im Einzelnen wurden folgende Untersuchungen durchgeführt.

1. Charakterisierung des minimalen Bindungsdomäne von LEF/TCF für β -Catenin:

Zur Identifizierung der minimalen Bindungsdomäne wurde das 'Hefe-2-Hybrid-System' eingesetzt (Abb.1). Die minimale Bindungsdomäne konnte auf die N-terminalen Aminosäuren 11-27 von LEF-1 begrenzt werden, welches den Aminosäuren 7-29 in TCF-4 entspricht (Abb.2). Die Interaktion von N-terminalen LEF-1 Fragmenten mit β -Catenin wurde anhand der Aktivierung eines lacZ-Reportergens bestimmt (s. Ausführungsbeispiel).

Im ELISA mit synthetischen Peptiden wurde gezeigt, daß entsprechende Peptide (11-34, 14-27) die β -Catenin/LEF-1-Komplexbildung spezifisch inhibieren. Analoges gilt für die TCF4 Peptide 7-29 und 10-23 bezüglich der β -Catenin/TCF-4-Komplexbildung (Abb.2).

Die für die Inhibition essentiellen Aminosäuren wurden durch Synthese mutanter Peptide identifiziert (Abb.2). Für die Funktion der Peptide ist eine symmetrische Anordnung von sauren Aminosäuren (Asparaginsäure und Glutaminsäure) im Abstand von 5 Aminosäuren flankiert durch hydrophobe Aminosäuren (Leucin, Isoleucin) und eine basische Aminosäure (Lys) wesentlich. Der Austausch von Phenylalanin oder Lysin durch Alanin hebt die Inhibition durch das Peptid ebenfalls auf. Die Bedeutung der sauren und aromatischen Aminosäurereste wurde im Kontext des gesamten LEF-1 Moleküls durch einen Kern-Translokationstest (Abb.4) von endogenem β -Catenin und durch einen Transaktivierungstest in Säugerzellen bestätigt.

2) Charakterisierung der Interaktionsdomäne von β -Catenin für LEF-1, APC, Conductin und E-Cadherin.

Die Armadillo-Region von β -Catenin wurde von Huber et al. 1997 kristallisiert und durch Röntgen-Kristall-Strukturanalyse charakterisiert. Eine basische Grube konnte identifiziert werden, die für die Interaktion mit den sauren Aminosäuren von LEF-1 (siehe oben) verantwortlich sein könnte. Es wurden deshalb basische (Lys, Arg, His) sowie einige aromatische (Tyr) Aminosäuren in den Armadillo-Wiederholungseinheiten 3-9 von β -Catenin mutiert (Abb.5). Es wurde darauf geachtet, daß vor allem freie Aminosäurereste der Helices 3, die die Basis der Grube bilden, sowie einige Aminosäurereste des einen Randes (Helix 1) mutiert wurden. Die mutanten β -Catenine wurden darauf getestet, ob sie noch mit den Interaktionspartnern LEF/TCF, APC, Conductin und E-Cadherin interagieren (Tab.2). Durch dieses Verfahren konnten kritische Aminosäurereste von β -Catenin identifiziert werden, die für spezifische Interaktionen von Bedeutung sind (Abb.5 und 6). Es ist dadurch gelungen, spezifische Regionen von β -Catenin für die einzelnen Interaktionspartner zu identifizieren (Abb.6). Diese Regionen sind für die Identifizierung von Molekülen wichtig, welche spezifisch die Interaktion von β -Catenin für LEF-1, APC, Conductin oder E-cadherin beeinflussen.

Der Befund, daß die Bindungsdomänen von β -Catenin mit LEF-1/TCF, APC, Conductin und E-Cadherin partiell überlappen, ist essentiell für die Selektion neuer Therapeutika. Die Selektion wird z.B. folgendermaßen durchgeführt: Es werden Substanzbibliotheken darauf getestet, ob sie spezifisch die Interaktion von β -Catenin mit LEF-1/TCF, von β -Catenin mit APC (20 oder 15 Aminosäure-Repeats), von β -Catenin mit Conductin oder von β -

Catenin mit E-Cadherin beeinflussen. Im weiteren werden Peptide oder ähnliche Oberflächenstrukturen der Armadillo-Region 3-8 von β -Catenin generiert, die durch Mutation von β -Catenin identifiziert wurden, und diese werden anschließend auf ihre Wirkung auf die Bindung der verschiedenen Interaktionspartner getestet.

Die Interaktion mit LEF-1/TCF-4 ist onkogener Natur, d.h. fördert potentiell die Krebsentstehung, die Interaktionen mit APC, Conductin und E-Cadherin sind potentiell anti-onkogen, d.h. sie inhibieren die Krebsentstehung. Jede neue Substanz, die in den Wnt-Signalweg eingreift, muß deshalb sorgfältig auf ihre spezifische Wirkung getestet werden. Die hier vorgestellte Charakterisierung der Bindungsdomäne von β -Catenin stellt dafür die Grundlage dar. Substanzen, die spezifisch die β -Catenin/LEF-1/TCF-4-Interaktion vermindern, sind deshalb potentielle Anti-Krebs-Therapeutika. Substanzen, die die Interaktion zu APC, Conductin oder E-Cadherin hemmen, fördern potentiell den Wnt-Signalweg und können zur verstärkten Gewebeentwicklung, z.B. zur Förderung des Haarwuchses eingesetzt werden.

Die Erfindung soll nachfolgend durch Ausführungsbeispiele näher erläutert werden.

1. Identifizierung der minimalen Bindungsdomäne von LEF-1 für β -Catenin:

Die Interaktion von Teildomänen von LEF-1 mit β -Catenin wurde im Hefe-2-Hybrid System durch Bestimmung der β -Galaktosidase-Aktivität nach Angaben des Herstellers (Clontech) analysiert (Abb.1). Für diesen Zweck wurde die für die N-terminalen Teildomänen von LEF-1 kodierende DNA in die Klonierungsstelle des Lex-A DNA-Bindungsdomäne enthaltenden Vektors BTM116 inseriert und durch Sequenzierung überprüft. Die DNA-Fragmente von LEF-1 wurden durch Polymerase-Kettenreaktion (PCR) und Inkubation mit Restriktionsendonukleasen hergestellt. Die β -Catenin kodierende DNA wurde in den Vektor pGAD424 (Clontech) für die Aktivierungsdomäne von GAL-4 kloniert (Behrens et al. 1996). Für den Vergleich der Interaktion der Hybride wurden die β -Galaktosidase-Aktivitäten unabhängiger Experimente gemittelt.

Die Spezifität der Interaktion der LEF-1-Hybride mit β -Catenin wurde anhand der β -Galaktosidase-Aktivität von Hefen, die die LEF-Hybride und die GAL-4 Aktivierungsdomäne ohne β -Catenin herstellten, kontrolliert (Abb.1). Die Expression der LEF-1 Hybride wurde im Immunoblot mit Hefezell-Lysaten durch Antikörper (Clontech) gegen die Lex-A-Domäne der Hybride kontrolliert. Für die Herstellung der Lysate wurden gleiche Hefemengen nach Bestimmung der optischen Dichte der Kulturen eingesetzt.

2. Charakterisierung der β -Catenin Bindungsdomäne von LEF-1 im Test auf den Kerntransport.

Durch in vitro Mutagenese der cDNA von LEF-1 wurden Punktmutationen in der Bindungsdomäne von LEF-1 für β -Catenin eingeführt. Die Mutagenese erfolgte mit dem "Transformer Site-Directed Mutagenesis Kit" der Firma Clontech nach Angaben des Herstellers. Folgende Aminosäuren wurden durch Alanin substituiert: Glu 14, Asp 19, Glu 20, Phe 24, Lys 25, Asp 26 und Glu 27. Die Mutanten wurden durch Sequenzierung überprüft und in den Vektor pCG-LEF-1 (Behrens et al. 1996) kloniert. Nach Transfektion von MDCK-Zellen mit LEF-1 oder seinen Mutanten, wurde die Translokation von endogenem β -Catenin in den Zellkern mit immunocytoologischen Methoden analysiert. Hierfür wurden je 2.5×10^5 MDCK-Zellen mit pCG-LEF-1 transfiziert. Die Immunodetektion von LEF-1 erfolgte mit Anti LEF-1 Serum aus Kaninchen und Cy2-konjugierten Anti-Kaninchen Antikörpern, die Detektion von β -Catenin erfolgte mit monoklonalen Antikörpern und Cy3-konjugierten Anti-Maus Antikörpern (Abb.4A).

3. Charakterisierung und Quantifizierung inhibitorischer Peptide im ELISA:

Für die Quantifizierung der Inhibition der LEF-1/ β -Catenin Interaktion durch synthetische Peptide wurden beide Proteine in Bakterien rekombinant mit N-terminalen Histidin-Sequenzen hergestellt und durch Nickel-Chromatographie gereinigt (Behrens et al. 1996). Die Peptide wurden von der Firma Biosyntan mit dem PSSM-8 Automaten (Shimadzu, Japan) unter Verwendung der Fmoc/But-Strategie hergestellt (E. Atherton und R.C. Sheppard. 1989 IRL Press, Oxford: "Solid phase peptide synthesis - a practical approach"). Ca. 50 ng LEF-1 wurde an den Näpfen von ELISA-Platten für 90 Minuten bei Raumtemperatur adsorbiert. Anschließend wurden die Näpfe mit 5% Magermilch-Pulver in PBS für 16 Stunden bei 4° C abgedeckt. Alle weiteren Schritte erfolgten bei Raumtemperatur in PBS mit 50 mM Tris HCl (pH 7.5). Nach dem Waschen der Näpfe mit PBS wurden die Peptidverdünnungen zugegeben. Die Inkubation mit 50-100 ng β -Catenin wurden für 10 Minuten in Gegenwart von 200 mg/ml BSA durchgeführt. Die Komplexbildung von LEF-1 und β -Catenin wurde durch den Antikörper PA2 gegen den Carboxy-Terminus von β -Catenin nachgewiesen (Hülsken et al. 1994). PA2 wurde für 10 Minuten in einer Titerverdünnung von 1:5000 in 3% Magermilchpulver in PBS zugegeben. Nach dem Waschen der Näpfe mit PBS erfolgte die Quantifizierung durch Peroxidase konjugierte Nachweisantikörper (1:2500 in 3% Magermilchpulver in PBS, Dianova) und den Umsatz von o-Phenylendiamin durch photometrische Messung bei 405 nm bestimmt. Die Peptide wurden in Konzentrationen von 100 μ M bis 0.3 μ M eingesetzt. Zur Kontrolle der Spezifität der Inhibition der Interaktion von LEF-1/ β -Catenin wurde β -Catenin in den

Näpfen adsorbiert und mit den gleichen Antikörpern in Gegenwart und Abwesenheit der Peptide nachgewiesen (Abb.2 und 3).

Für die Mutationsanalyse der Peptide wurden bei der Synthese die angegebenen Aminosäuren durch Alanin ersetzt. Die Quantifizierung der Inhibition der Komplexbildung von β -Catenin und LEF-1 erfolgte wie bereits beschrieben (Abb.2).

4) Herstellung und Testen von Mutanten von β -Catenin, die die Interaktion zu LEF-1, APC, Conductin oder E-Cadherin modulieren.

Die Mutagenese von β -Catenin in den Armadillo-Repeats 3-8 wurde mit dem "Mutagenese Kit" der Firma Clontech nach dem Protokoll des Herstellers durchgeführt und die Mutanten durch Sequenzierung überprüft (Abb.5). In allen Mutanten wurde die ursprüngliche Aminosäure durch Alanin substituiert. Für die Analyse der Interaktionen wurde die für die Aminosäuren Leu218-Leu781 kodierende cDNA von humanen β -Catenin (Armadillo-Repeat 3 bis zum C-terminalen Ende des Proteins) oder seinen Mutanten in den Fusionsvektor für die Aktivierungsdomäne von Gal-4 (pGAD424, Clontech) kloniert. Die cDNA für die Bindungsdomänen der Interaktionspartner wurde in den LexA-Fusionsvektor BTM116 kloniert. Hierfür wurde die cDNA von LEF-1 für die Aminosäuren 1-99, von Conductin für die Aminosäuren Ala342-Arg465, von humanen APC für die Aminosäuren His1012-Glu1215 (APC 15 Aminosäure-Repeats) und für die Aminosäuren Ser1259-Asp1400 (APC 20 Aminosäure-Repeats) und von E-Cadherin für die Aminosäuren Gln773-Asp884 (cytoplasmatische Domäne) mit entsprechenden Primern PCR amplifiziert. Die Interaktion der Lex-A-Hybride mit β -Catenin und seinen Mutanten wurde anhand der β -Galaktosidase-Reporteraktivität im Hefe 2-Hybrid System (Protokoll: "Matchmaker", Clontech) quantifiziert (Tab.2 und Abb.6).

Legenden zu den Abbildungen und Tabellen:

Abb. 1:

Identifizierung der minimalen Bindungsdomäne von LEF-1 für β -Catenin.

Die Interaktion von Teilen der Bindungsdomäne von LEF-1 mit β -Catenin wurde anhand der β -Galaktosidase-Reporteraktivität im Hefe-2-Hybrid System analysiert. Deletion C-terminaler Aminosäuren von LEF-1 bis zum Glu27 und N-terminaler Aminosäuren bis zum Gly10 führt zu keinem Verlust der Bindung (11-27), während weitere Deletionen die Interaktion verhindern (11-23, 17-34). Die minimale Bindungsdomäne von LEF-1 für β -Catenin besteht demnach aus 17 Aminosäuren (11-27) und weist einen sauren Charakter auf. Die Teildomäne von LEF-1 aus Met 21 bis Val 56 zeigt keine Bindungsaktivität zu β -Catenin.

Abb. 2:

Charakterisierung der minimalen Bindungsdomäne von TCF-4 durch Inhibition der Bindung von β -Catenin an LEF-1 im ELISA.

Synthetische Peptide aus dem N-Terminus von hTCF-4 mit Substitutionen für die angegebenen Aminosäurereste wurden auf ihre Fähigkeit getestet, die Interaktion von LEF-1 mit β -Catenin zu inhibieren. Substitution der sauren Aminosäurereste von Asp10, Asp15 und Asp22 von TCF-4 durch Alanin führt zur Aufhebung der Inhibition durch die entsprechen Peptide. Substitution von Phe20 und Lys21 hat die gleiche Wirkung. Durch Deletion wurde eine saure, minimale Bindungsdomäne von TCF-4 für β -Catenin von 14 Aminosäuren Länge (Asp10 bis Glu23) identifiziert.

Abb. 3:

Inhibition der Interaktion von LEF-1 und β -Catenin durch synthetische Peptide aus der minimalen Bindungsdomäne von LEF-1 im ELISA

Das synthetische Peptid aus der minimalen Bindungsdomäne von LEF-1 (10-34) hemmt die Interaktion von LEF-1 und β -Catenin im ELISA. Eine Reduktion der Komplexbildung auf 50% wird bei einer Peptid-Konzentration von 4 μ M gemessen, während ein Peptid von LEF-1 mit den Aminosäuren Ile35-Val56 die Komplexbildung nicht hemmt.

Abb. 4:

Substitution saurer Aminosäure-Reste und von Phenylalanin in der minimalen Bindungsdomäne von LEF-1 blockiert die Translokation von β -Catenin in den Zellkern.

A. MDCK-Zellen wurden mit Wildtyp- und Mutanten von LEF-1 transfiziert und die Translokation von endogenem β -Catenin in den Zellkern durch Immunfluoreszenznachweis überprüft. Substitution der sauren Aminosäure-Reste von Asp19, Glu20, Asp26 und Glu27 durch Alanin blockiert die Translokation von β -Catenin in den Zellkern; die Substitution der aromatischen Aminosäure Phe24 hat den gleichen Effekt. Die Substitution von Glu14 und Lys25 verhindert die Translokation nicht. Pfeile markieren die LEF-1 transfizierten Zellen in der Immunodetektion für endogenes β -Catenin.

B. Vergleich der minimalen Bindungs-Domänen von LEF-1 und TCF-4 mit den entsprechenden Positionen der Aminosäuren.

Abb. 5:

Mutationen zu Alanin in der Armadillo-Domäne von β -Catenin, die zu einer Reduktion von mehr als 70% der Interaktion mit LEF-1, APC, Conductin und E-Cadherin führen.

Die Lokalisation der Mutationen in Bezug zum strukturellen Kontext (Helix 1-3, in Rahmen) ist dargestellt. Die Zahlen über den Aminosäuren in der Sequenz kennzeichnen die analysierten Mutanten. Farblich markiert sind die Mutanten mit mehr als 70%-Reduktion in der Interaktion für LEF-1 (rot), APC (blau), Conductin (grün) und E-Cadherin (gelb). Grau unterlegte Aminosäuren stellen in allen Repeats konservierte identische und chemisch ähnliche Aminosäuren dar.

Abb.6:

Mutationen in der Armadillo-Domäne von β -Catenin, die spezifisch nur die Bindung von LEF-1, APC, Conductin oder E-Cadherin verhindern.

Darstellung der Armadillo-Domäne Repeats 3-8 mit Mutationen, die eine Reduktion der jeweiligen Interaktion auf weniger als 30% (rot) oder auf 30-60% (gelb) aufweisen. Mit Pfeilen gekennzeichnet sind die Mutanten, die für die jeweilige Interaktion spezifisch sind: Arg469 und His470 für die Bindung von LEF-1, Trp383 für APC (20 Aminosäure-Repeats), Arg386 für APC (15 Aminosäure-Repeats), Phe253, Arg274 und Trp338 für Conductin. Die Interaktionen wurden im Hefe 2-Hybrid System anhand der β -Galaktosidase-Reporteraktivität bestimmt.

WO 99/42481

PCT/DE99/00554

13

Tab.1

Aminosäuresequenz des humanen β -Catenin (Armadillo-Repeats 3-8)

arm 3	(224-264)	HREGLLAIFKSGGIPALVKMLGSPVDSVLFYAITTLHNLLL
arm 4	(265-306)	HQEGA MAVRLAGGLQKMVALLNKTNVKFLAITTDCQLLAY
arm 5	(307-349)	GNQESKLIILASGGPQALVNIMRITYTYEKLWTTTSRVLKVLSV
arm 6	(350-390)	CSSNKPAIVEAGCMQALGLHLTDPQSRLVQNCWLTLRNLSLSD
arm 7	(391-429)	AATKQEGMEGLLGTLLVQLLGSDDDINVVTCAAGILSNLTC
arm 8	(430-473)	NNYKNKMMVCQVGGIEALVRTVLFRAGDREDITEPAICALRHILTS

Tab.2

**Interaktion von β -Catenin-Mutanten mit
LEF-1, APC (20 und 15 Aminosäure -Repeats),
Conductin und E-Cadherin**

β -Catenin Mutanten	arm. Einh.	Interaktion mit				
		LEF-1	APC-20	APC-15	Conductin	E-Cadherin
Phe 253	3	-	40	-	17	-
His 260	3	53	37	-	1	-
Arg 274	4	-	40	-	29	50
Lys 292	4	-	28	-	5	-
Trp 338	5	-	55	-	20	-
Arg 342	5	-	29	-	20	41
Lys 345	5	38	0	-	22	27
Lys 354	6	38	-	54	43	40
Trp 383	6	-	0	59	-	-
Arg 386	6	35	-	12	45	-
Lys 394	7	-	-	-	42	-
Lys 435	8	-	-	30	42	-
Arg 457	8	-	-	-	36	-
Arg 469	8	17	-	-	-	50
His 470	8	2	47	60	-	-

Die Werte geben den prozentualen Anteil der jeweiligen Interaktion mit Wildtyp- β -Catenin an. Durch - gekennzeichnete Interaktionen entsprechen 60 -100 % der Wildtyp-Interaktion. Die Werte wurden in Hefe 2-Hybrid-Assays ermittelt.

Patentansprüche

1. Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen auf der Basis von Substanzen, die die Interaktion von β -Catenin mit Transkriptionsfaktoren und Tumorsuppressor-Genprodukten beeinflussen.
2. Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen auf der Basis von Substanzen, die die Interaktion von β -Catenin mit Transkriptionsfaktoren und Tumorsuppressor-Genprodukten hemmen.
3. Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen auf der Basis von Substanzen, die die Interaktion von β -Catenin mit Transkriptionsfaktoren und Tumorsuppressor-Genprodukten fördern.
4. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit LEF-1 beeinflusst.
5. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit TCF-4 beeinflusst.
6. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit APC 15 bzw. AP 20 Aminosäure-Repeats beeinflusst.
7. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit Conductin beeinflusst.
8. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit E-Cadherin beeinflusst.
9. Peptide, die Teile der LEF-1-/TCF-4-Transkriptionsfaktoren umfassen, und ihre Varianten und Mutanten.
10. Peptid nach Anspruch 9, bestehend aus 10-40 Aminosäuren langen Sequenzen aus dem N-terminalen Bereich von LEF-1 bzw. TCF-4.
11. Peptid nach Anspruch 9-10, bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 11-34 von LEF-1 folgender Sequenz
GDPELCATDEMIPFKDEGDPQKEK

12. Peptid nach Anspruch 9-10, bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 14-27 von LEF-1 folgender Sequenz

ELCATDEMIPFKDE

13. Peptid nach Anspruch 9-10, bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 7-29 von TCF-4 folgender Sequenz

GGDDLGANDELISFKDEGEQEEK

14. Peptid nach Anspruch 9-10, bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 10-23 von TCF-4 folgender Sequenz DLGANDELISFKDE

15. Peptid nach Anspruch 9-14, dadurch gekennzeichnet, daß sie saure Aminosäuren im Abstand von 5 Aminosäuren, die durch hydrophobe Aminosäuren flankiert sind, und eine basische Aminosäure enthalten.

16. Verwendung der Peptide gemäß Anspruch 9-15 zur Tumorthherapie, dadurch gekennzeichnet, daß die Peptide mit einem zweiten Peptid gekoppelt und danach in geeigneter Form appliziert werden.

17. Verwendung nach Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß als zweites Peptid das Antennapediapeptid RQIEIWFQNRRMEWEE eingesetzt wird.

18. Verwendung nach Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß die Peptide und Bindungsregionen zur Erhöhung der Stabilität modifiziert werden (Peptidomimetics)

19. Verwendung der Peptide und Bindungsregionen gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß ihr Kohlenstoffgerüst gegen Kohlenstoffgerüste mit gleicher Anordnung von funktionellen Gruppen ausgetauscht wird (Non Peptidomimetics).

20. Peptide und ähnliche Moleküle aus der Armadillo-Domäne (arm-Einheiten 3-8) von β -Catenin (Sequenz gemäß Anlage: Tabelle 1) und die Mutanten im Kontext des gesamten β -Catenin-Moleküls, die mindestens eine der spezifischen Interaktionsdomänen zu LEF-1, TCF-4, APC, Conductin oder E-Cadherin umfassen.

21. Peptide und Bindungsregionen von β -Catenin nach Anspruch 20, die den Bereich von His 470 und/oder Arg 469 sowie Fragmente davon umfassen (LEF-1/TCF-Bindungsstelle).

22. β -Catenin Mutanten nach Anspruch 20 mit der Mutation His 470 und/oder Arg 469.
23. Peptide und Bindungsregionen von β -Catenin, die den Bereich von Trp 383 sowie Fragmente davon umfassen (APC-Bindungsstelle, 20 Aminosäure-Repeat).
24. β -Catenin Mutanten nach Anspruch 20 mit der Mutation Trp 383.
25. Peptide und Bindungsregionen von β -Catenin nach Anspruch 20, die den Bereich von Arg 386 sowie Fragmente davon umfassen (APC-Bindungsstelle, 15 Aminosäure-Repeat).
26. β -Catenin Mutanten nach Anspruch 20 mit der Mutation Arg 386.
27. Peptide und Bindungsregionen von β -Catenin nach Anspruch 20, die den Bereich von Arg 386, Phe 253, Arg 274, Trp 338 sowie Fragmente davon umfassen (Conductin-Bindungsstelle)
28. β -Catenin Mutanten nach Anspruch 20 mit einer oder Kombinationen von folgenden Mutationen: Arg 386, Phe 253, Arg 274, Trp 338
29. Verwendung von Substanzen, die durch Peptidomimetics oder Non-Peptidomimetics aus den Ansprüchen 20-28 gewonnen werden.
30. Verwendung der Peptide und ähnlicher Moleküle nach Anspruch 20-28 zum Aufbau von Mitteln zur Behandlung von Tumoren, Gewebe und Organschäden, z.B. von Haarausfall.
31. Verwendung der Peptide und ähnlicher Moleküle nach Anspruch 20-28 zum Screening von Substanzen, die hochspezifisch eine der Interaktionen von β -Catenin mit LEF/TCF, APC, Conductin oder E-Cadherin hemmen oder verstärken.
32. Verwendung der Peptide und ähnlicher Moleküle nach Anspruch 20-28, die die Interaktion von β -Catenin mit LEF/TCF, APC, Conductin oder E-Cadherin hemmen, zur Tumorthherapie.
33. Verwendung der Peptide und ähnlicher Moleküle nach Anspruch 20-28, die die Interaktion von β -Catenin mit LEF/TCF, APC, Conductin oder E-Cadherin fördern, zur Gewebe- und Organ-Regeneration (z.B. Haarwuchsförderung).

34. ELISA zur Durchmusterung von Substanzbibliotheken, auf Komponenten hin, die die Interaktion von β -Catenin mit LEF-1/TCF, APC, Conductin und E-Cadherin beeinflussen.

35. ELISA nach Anspruch 35, enthaltend Peptide und Mutanten sowie ähnliche Moleküle nach den Ansprüchen 9-15, 20-28 zur Identifizierung von Substanzen zur Tumorthherapie, Gewebe- und Organregeneration.

09544304 084700

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

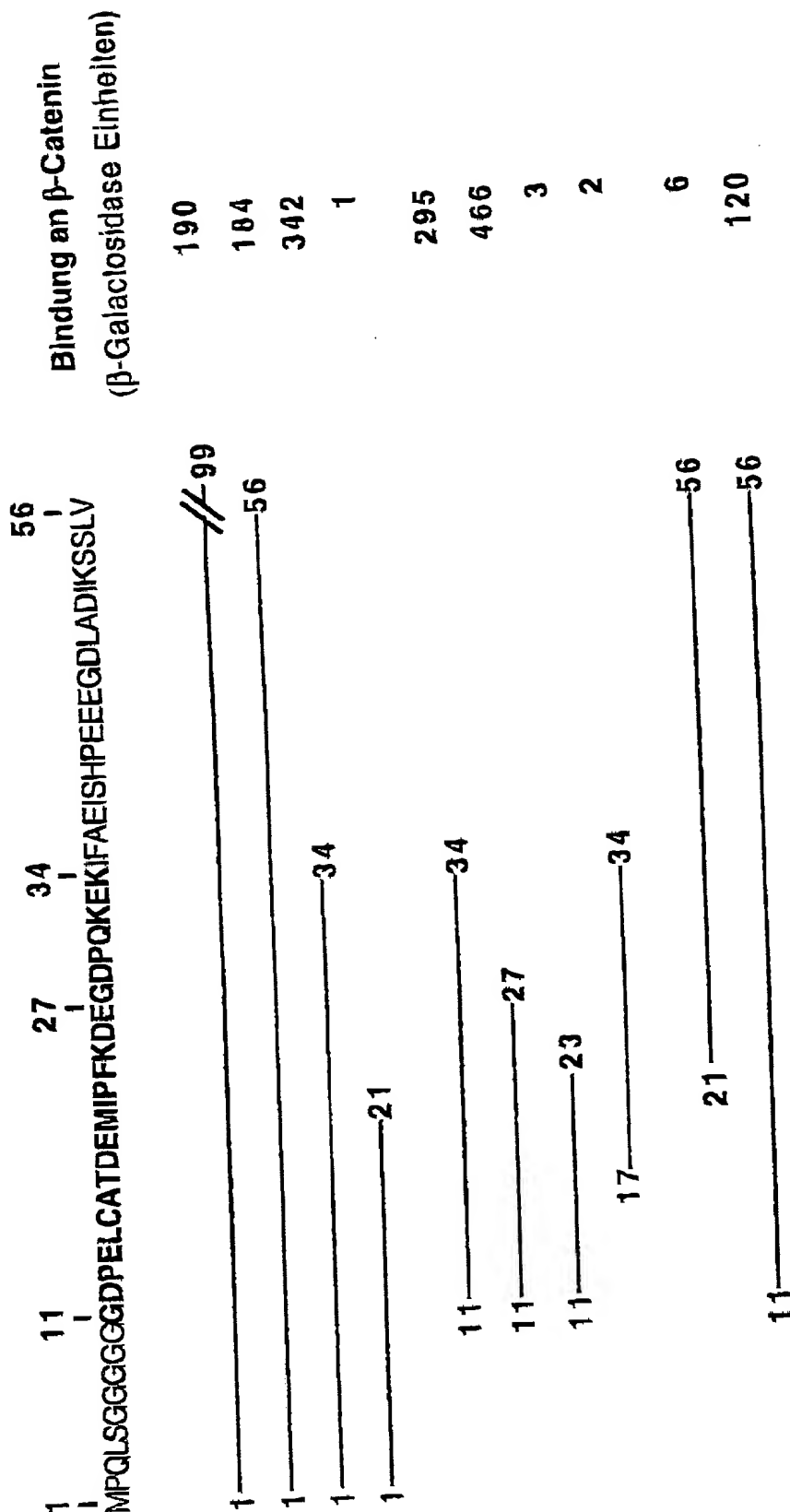
Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Letland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Verinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

WO 99/42481

1 / 6

PCT/DE99/00554



BERICHTIGTES BLATT (REGEL 91)
ISA / EP

Abb.1

WO 99/42481

2 / 6

PCT/DE99/00554

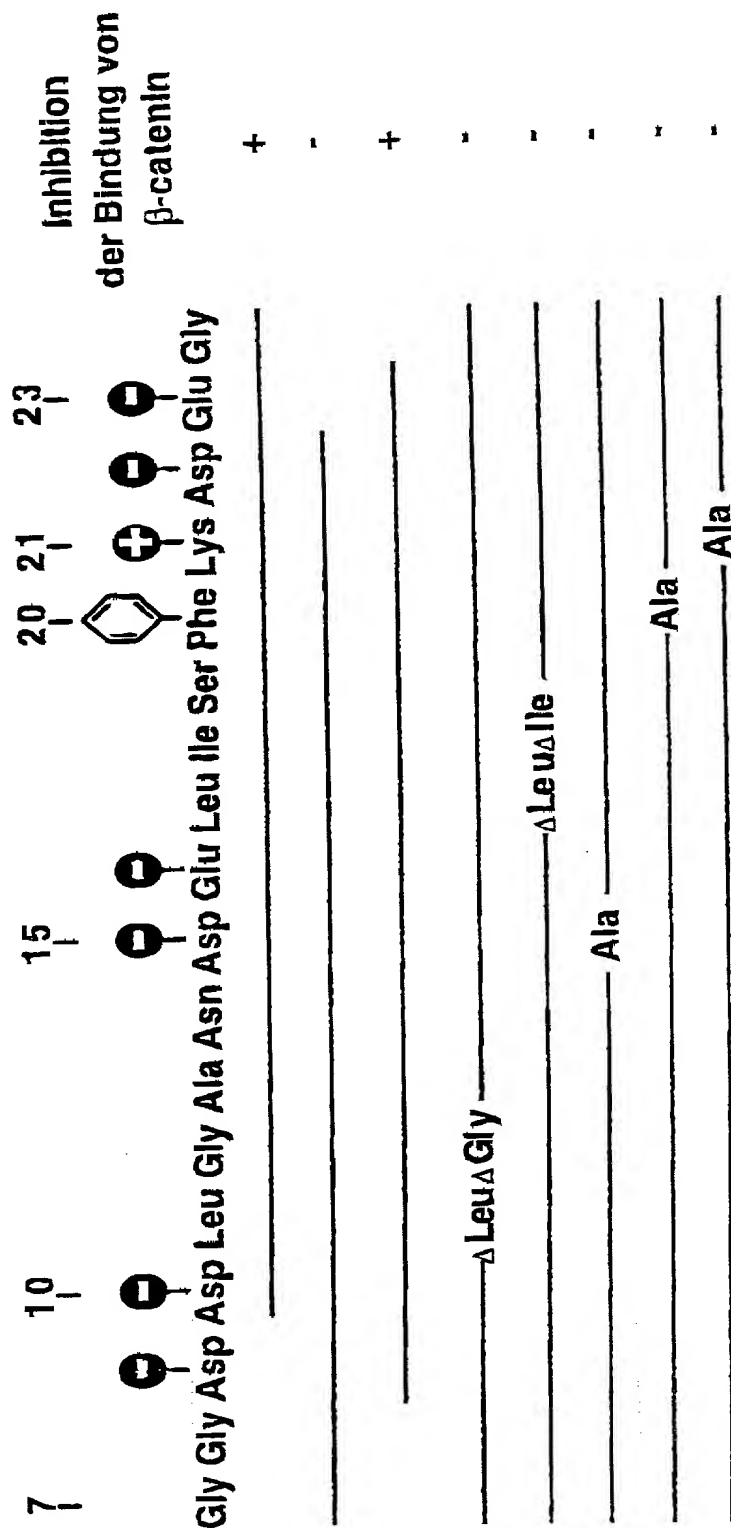


Abb.2

Inhibition der LEF-1/ β -catenin Interaktion durch synthetische Peptide aus der Minimalen Bindungs-Domäne

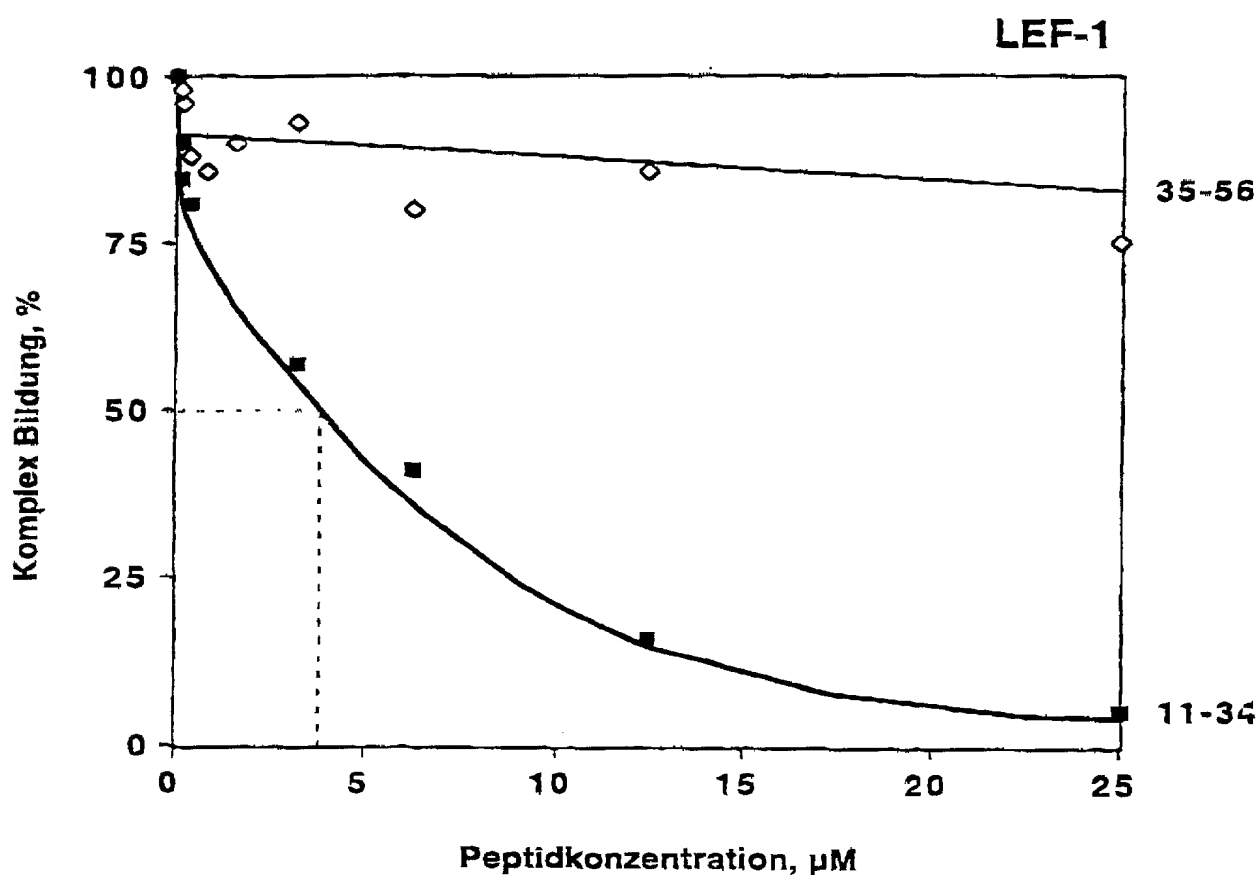


Abb. 3

WO 99/42481

4 / 6

PCT/DE99/00554

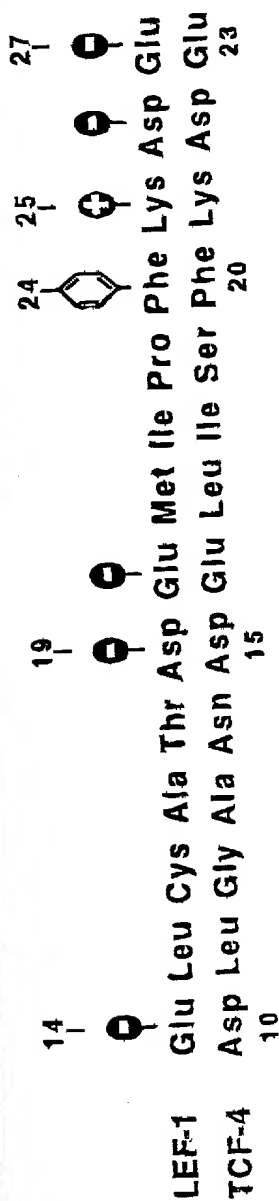
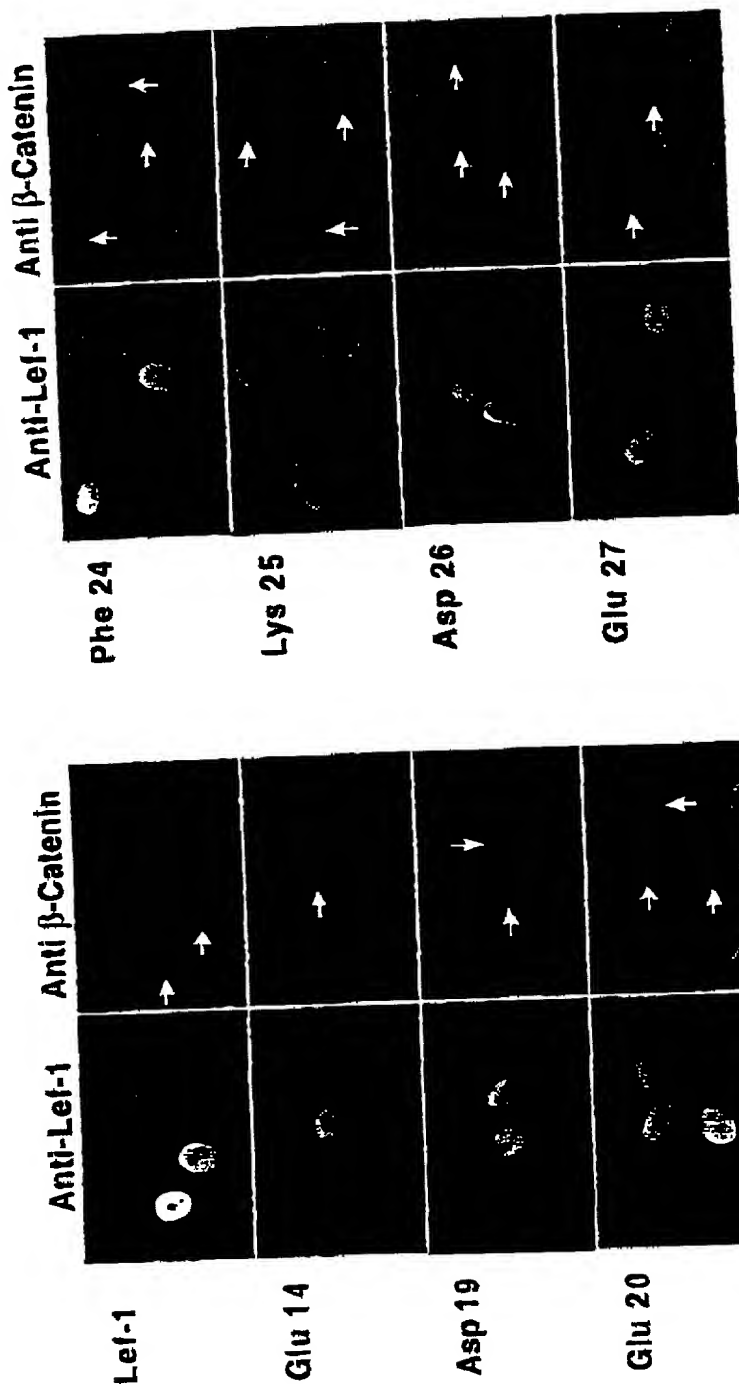


Abb. 4

WO 99/42481

5 / 6

PCT/DE99/00554

β-Catenin Mutationen mit < 30 % Transaktivierung

	Helix 1	Helix 2	Helix 3
arm 1 (141-180)	-N---YQDDAE--LATR--APPELTKLLN		DOVVVNKAAMVHVQLSK
arm 2 (181-223)	-K---EASRHA--IMRSPQMVSAIVRTMQN		DNETARCTAGTULHNLSH
arm 3 (224-264)	-H---REGLLA--IFKS--GGIPALVKML--G		VDSEHFAITTLNLL
arm 4 (265-306)	HQ---EGAKMA--VRLA--GGQKKNVALL--N		NVWFLAITDCLQILAN
arm 5 (307-349)	GN---QESKLI--ILAS--GGPQALVNIMRT		YEKLITTSVIVIVLSV
arm 6 (350-390)	-C---SSNKRA--IVEE--GGMQALGHLT		SQRLVQNCITLNLSP
arm 7 (391-429)	AA---TK-QEGM--EGLLGLTVQLLG		DINVVTCAGILSNLTC
arm 8 (430-473)	NN---YKNMM--VCQV--GGIEALVRTVLRP		REDITEPAICADNLLTS
arm 9 (474-519)	RHQEAEQAQNA--VRIH--YGLPVVVKILH		HWPLI ATVGLIRNLAL
arm 10 (520-582)	-C---PANHAP--LREQ--CAIPRLVQLLVRAHQDTQR		GVRMEEIVEGCTGALHILAR
arm 11 (583-623)	-D---VHNRIV--IRGL--NTIPLFVQLLY		IENIQRVAAGVLCELAQ
arm 12 (624-664)	-D---KEAAEA--IEEE--GATAPLTLLIH		NEGVATYAAAVLFRMSE

■ LEF-1

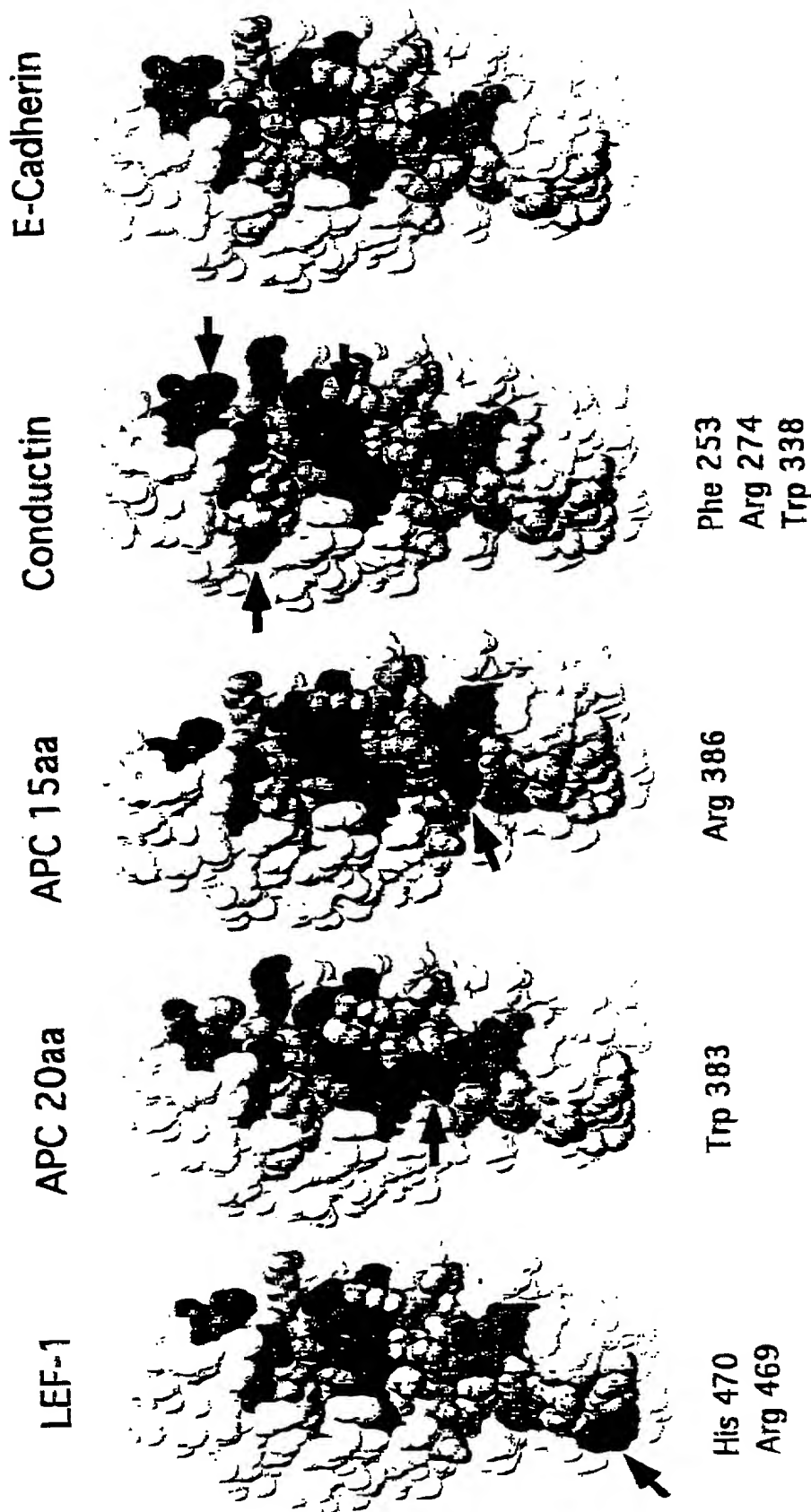
■ APC

■ Conductin

■ E-Cadherin

Abb. 5

Interaktion von β -Catenin Mutanten mit :



Interaktions-Reporteraktivität:

0 - 30 %
30 - 60 %

➔ : Mutation für Interaktionspartner spezifisch

Abb. 6

002F80" 80F4960

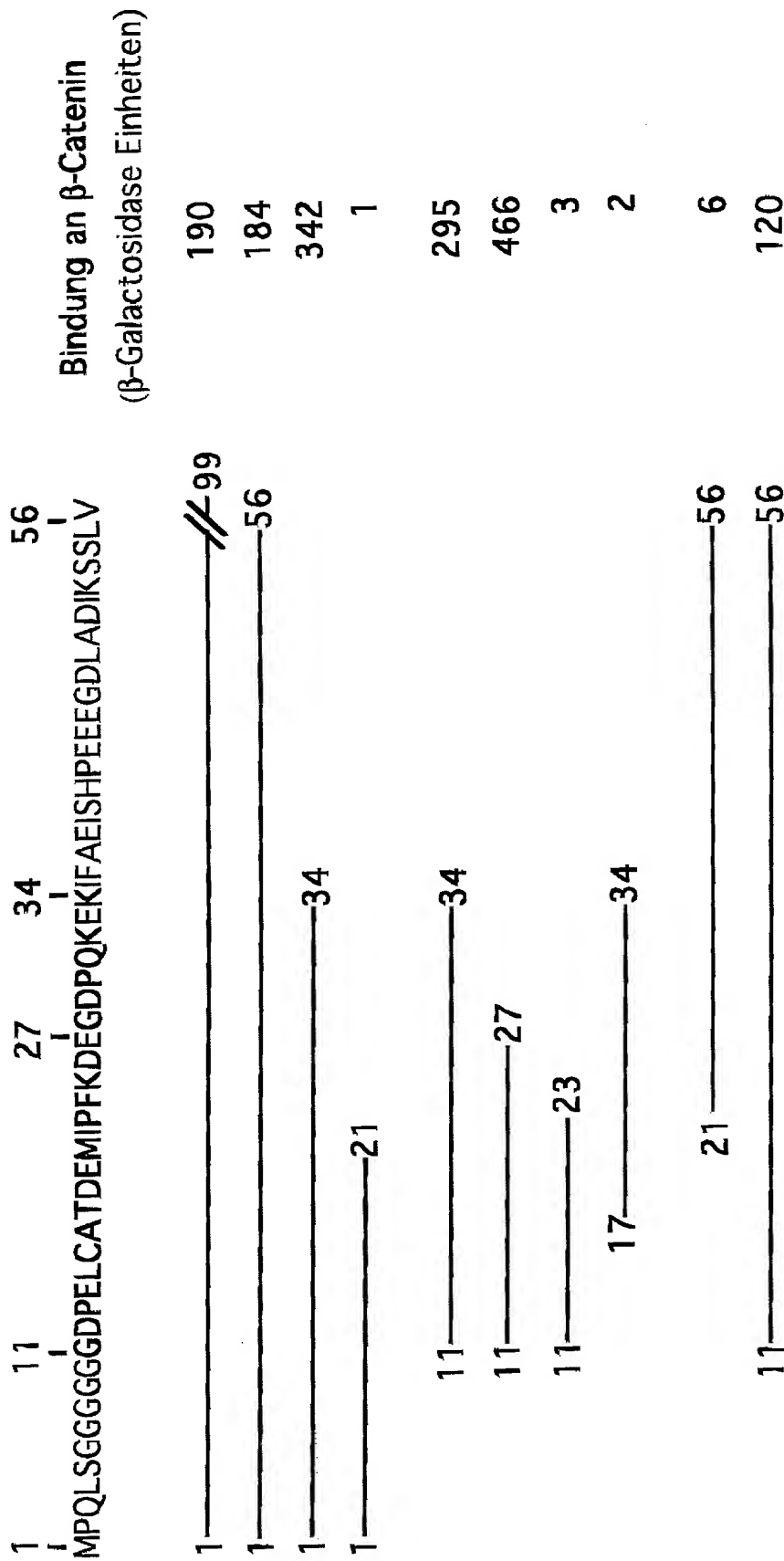


Abb.1

002730" 10774960

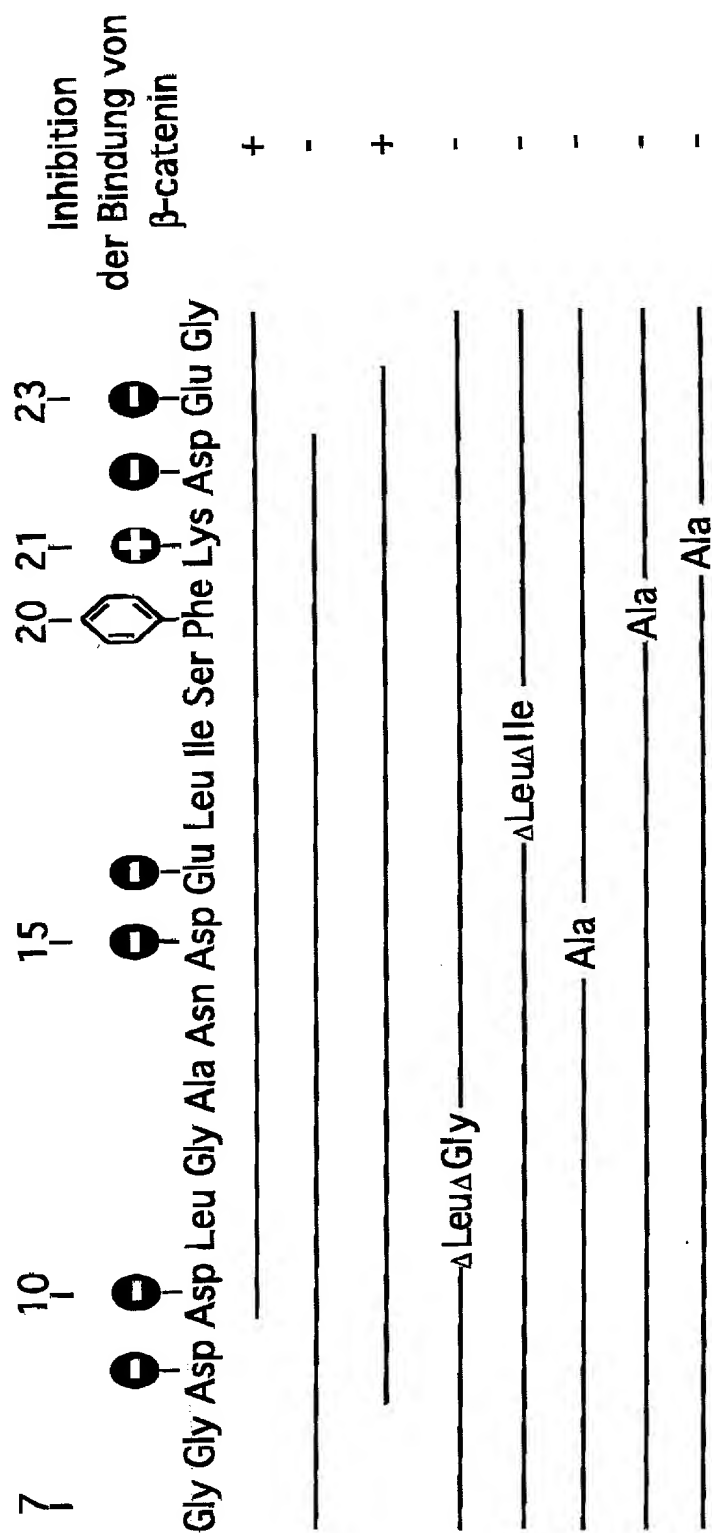


Abb.2

Inhibition der LEF-1/ β -catenin Interaktion durch synthetische Peptide aus der Minimalen Bindungs-Domäne

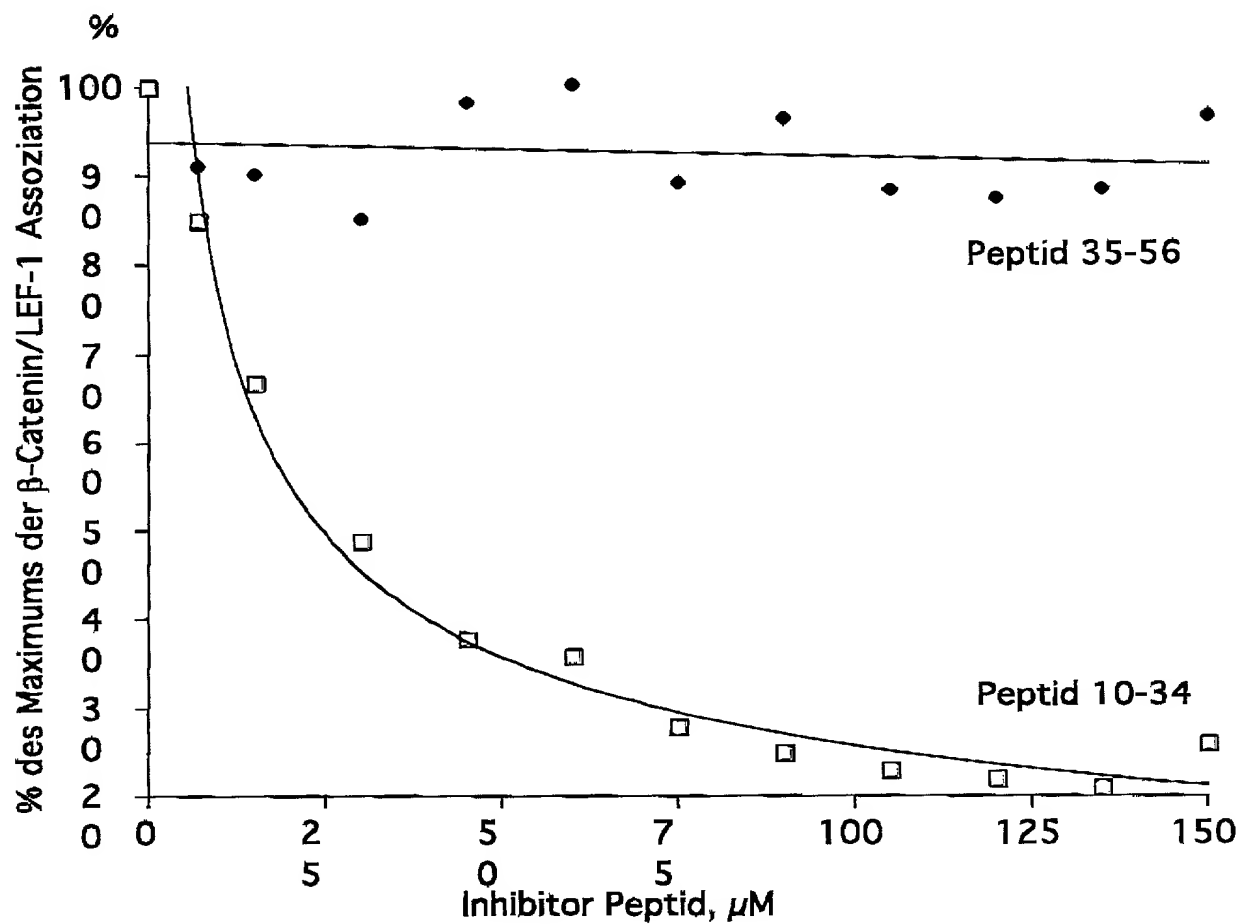
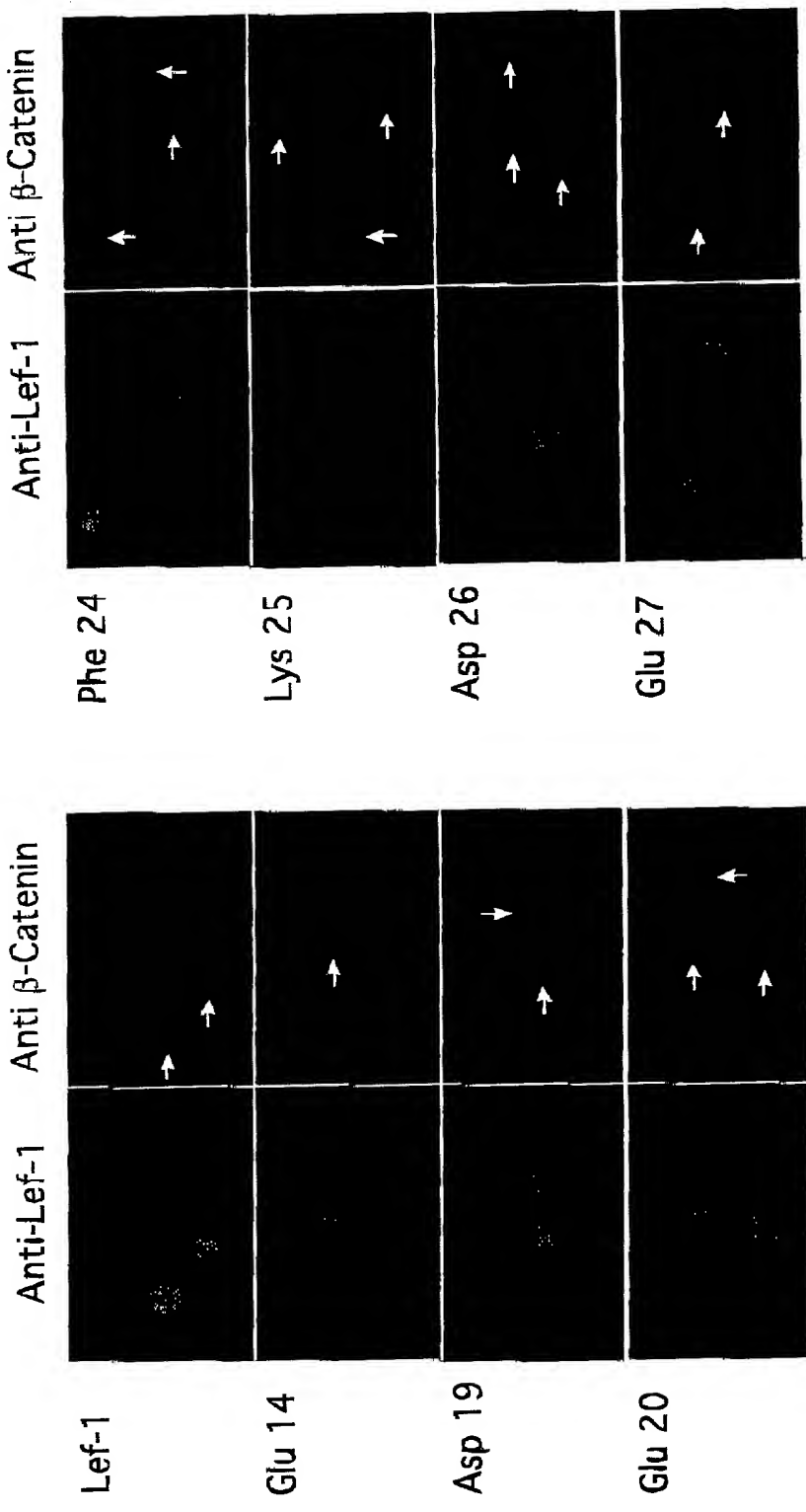


Abb. 3

004750 "4047500

A



B

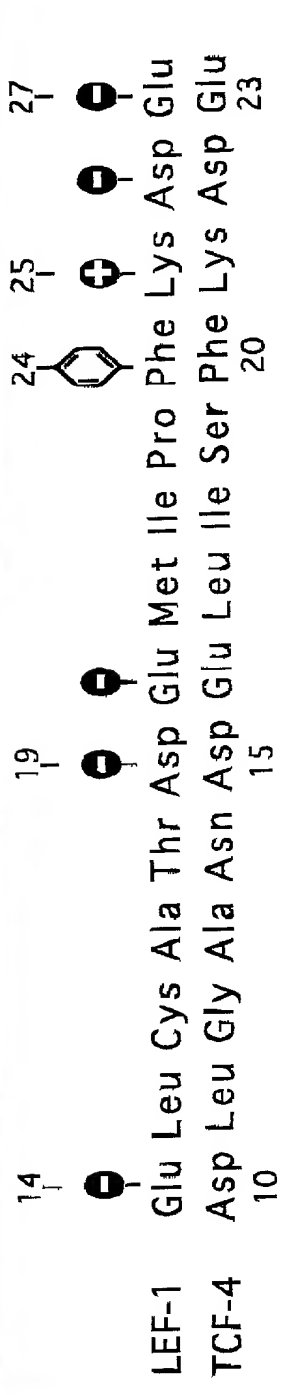


Abb. 4

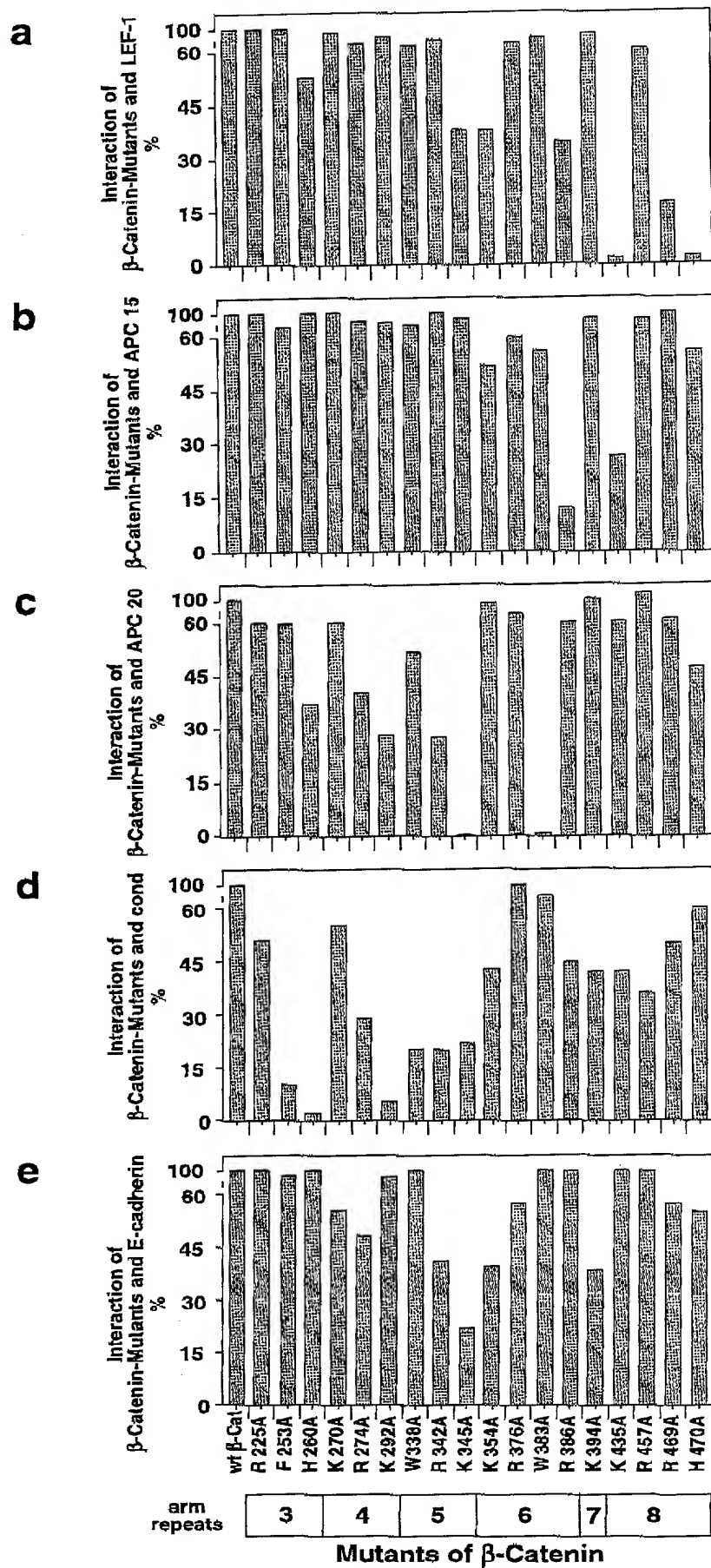


Abb. 5

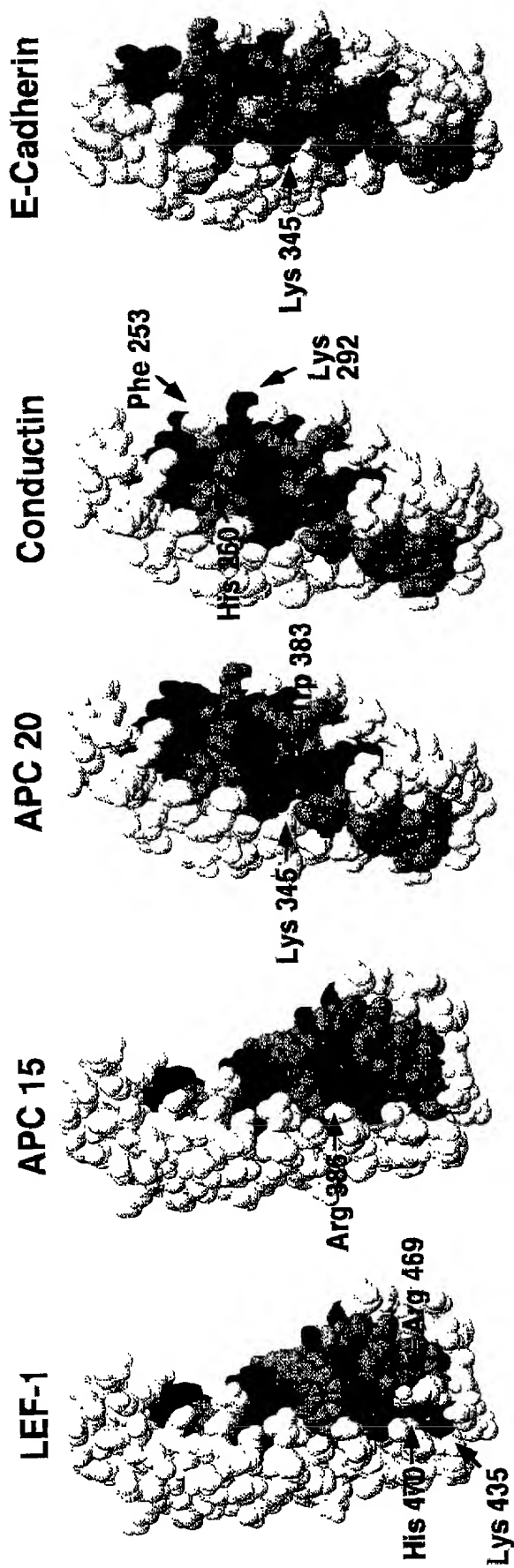
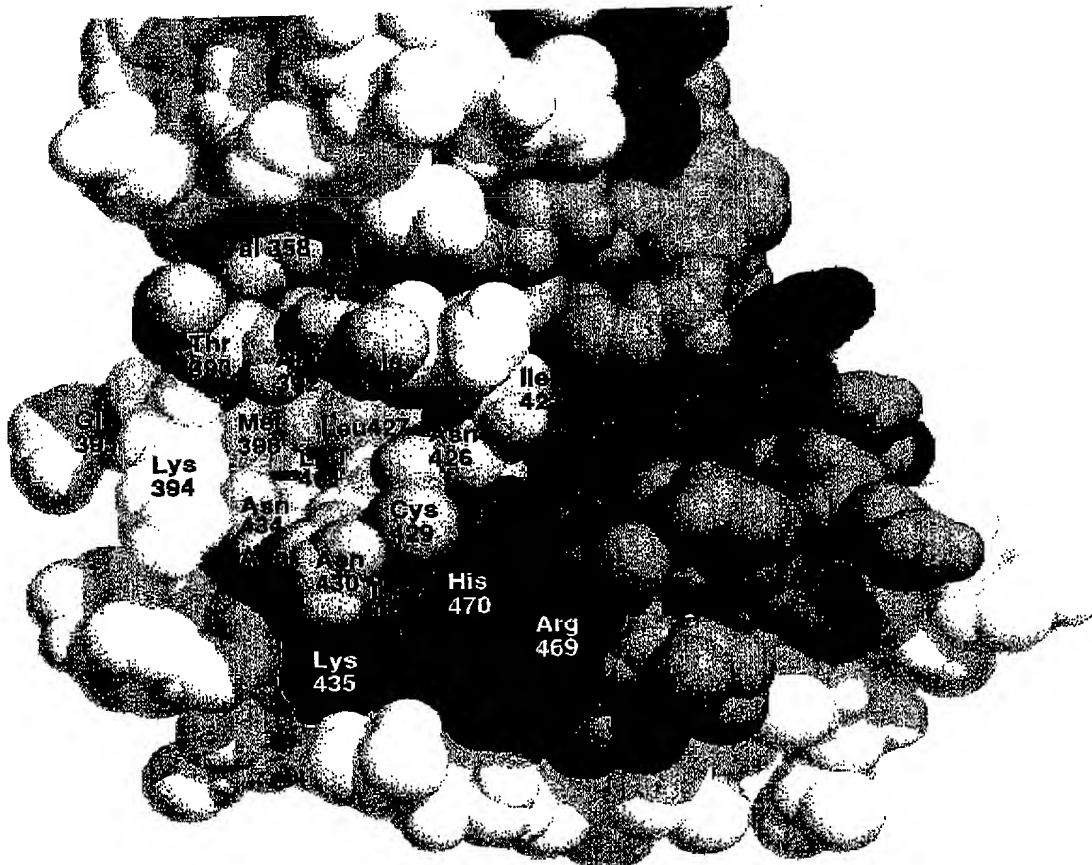


Abb. 6

A

002760-401560

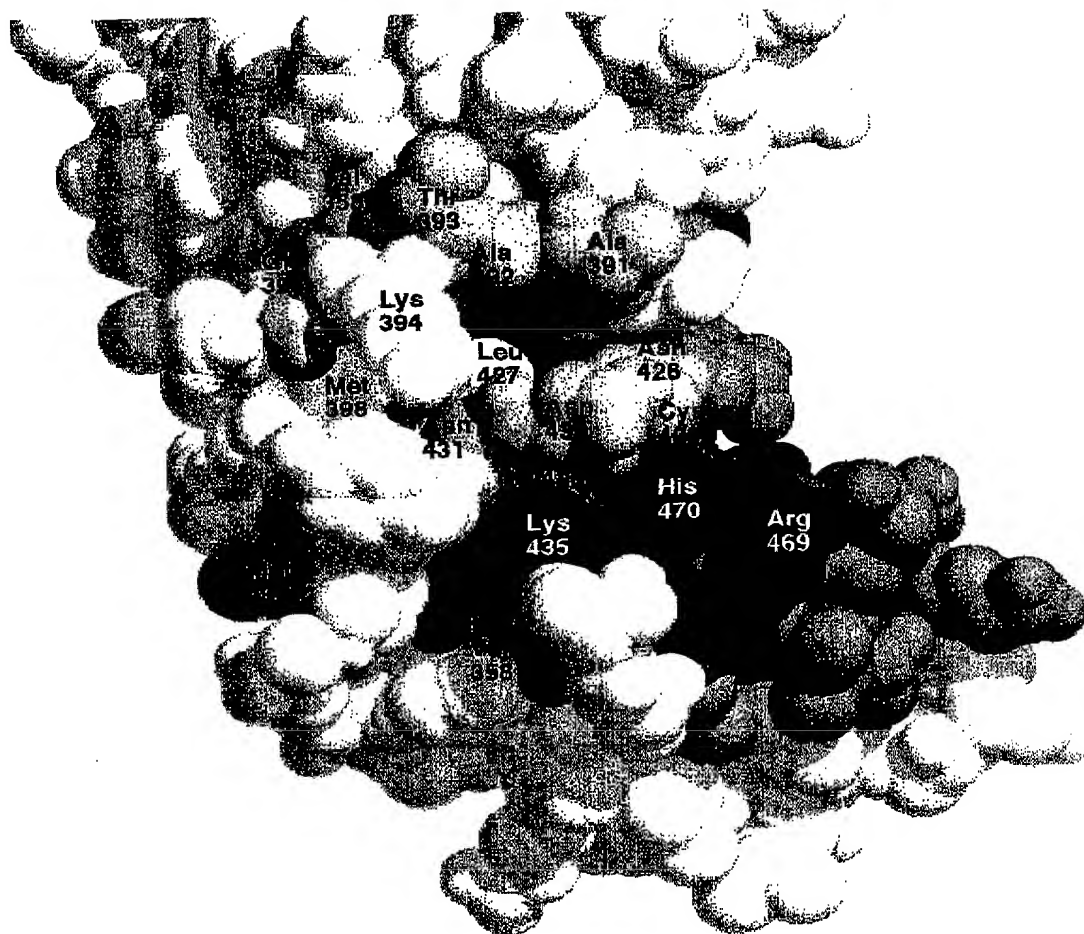
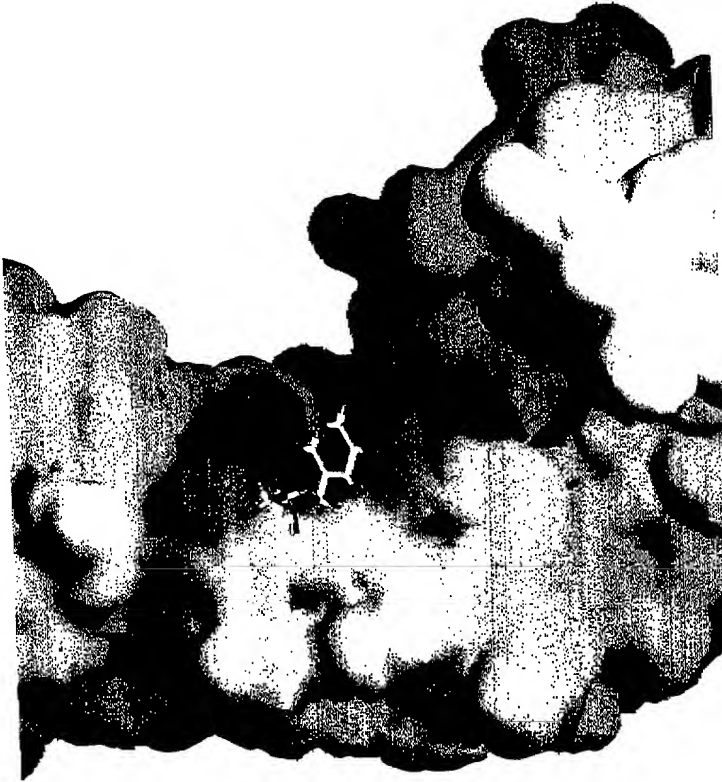
B

Abb. 7

00760-4074960

B



A



Abb. 8

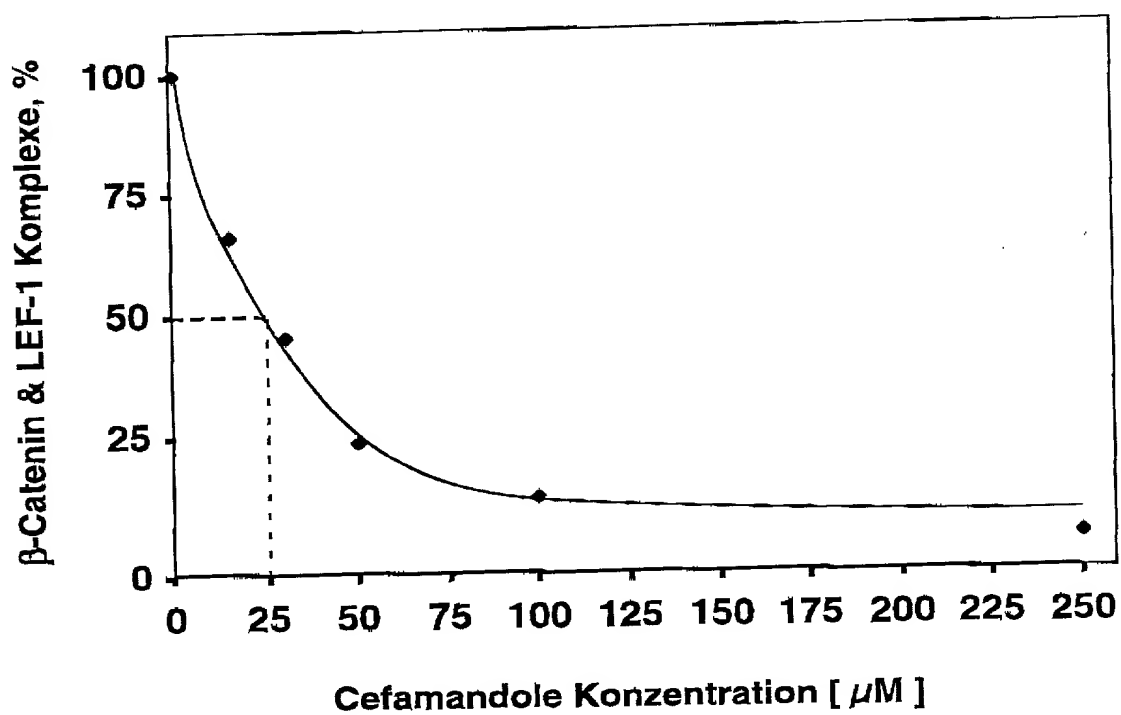


Abb. 9

004760 " 10.11.96

Tab.1

Aminosäuresequenz des humanen β -Catenin (Armadillo-Repeats 3-9)

arm 3	(224-264)	HREGLLAIFKSGGIPALVKMLGSPVDSVLFYAITTLHNLLL
arm 4	(265-306)	HQEGA MAVRLAGGLQKMVALLNKTNVKFLAITTDCQLLAY
arm 5	(307-349)	GNQESKLIILASGGPQALVNIWRTTYTYEKLWTTSRVLKVLVS
arm 6	(350-390)	CSSNKP AIVEAGGMQALGLHLTDPSQRLVQNCWTLRNLS
arm 7	(391-429)	AATKQEGMEGLLGTLVQLLGSDDDINVVTCAGILSNLTC
arm 8	(430-473)	NNYKNKMMVCQVGGIEALVRTVLRAGDREDITEPAICALRHLS
arm 9	(474-519)	RHQEAEMAQNAVRLHYGLPVVVKLLHPPSHWPLIKATVGLIRNLAL

Tab.2

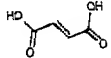
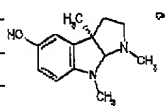
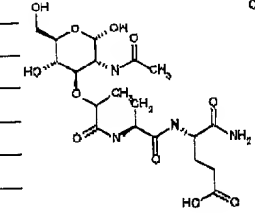
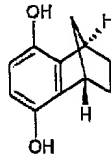
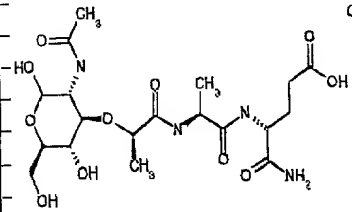
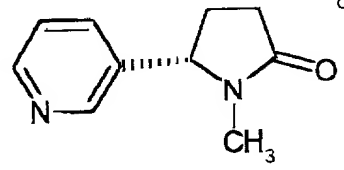
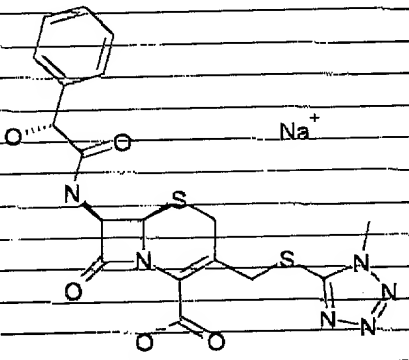
Interaktion von β -Catenin Mutanten mit
 LEF-1, APC (20 und 15 Aminosäure -Repeats),
 Conductin und E-Cadherin

β -Catenin Mutanten	arm. Einh.	Interaktion mit				
		LEF-1	APC-20	APC-15	Conductin	E-Cadherin
Phe 253	3	-	40	-	17	-
His 260	3	50	40	100	10	100
Arg 274	4	-	40	-	29	50
Lys 292	4	-	28	-	5	-
Trp 338	5	-	55	-	20	-
Arg 342	5	-	29	-	20	41
Lys 345	5	38	0	-	22	27
Lys 354	6	38	-	54	43	40
Trp 383	6	-	0	59	-	-
Arg 386	6	35		12	45	-
Lys 394	7	-	-	-	42	-
Lys 435	8	-	-	30	42	-
Arg 457	8	-	-	-	36	-
Arg 469	8	17	-	-	-	50
His 470	8	2	47	60	-	-

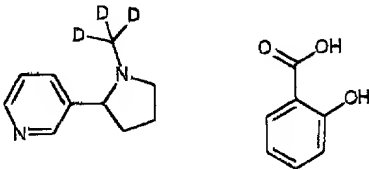
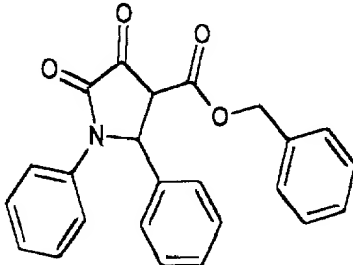
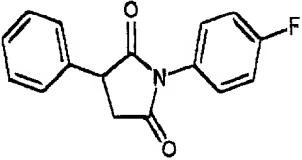
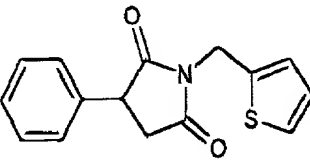
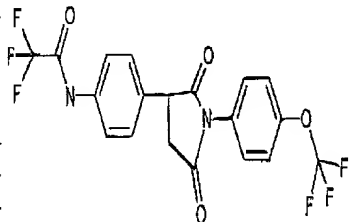
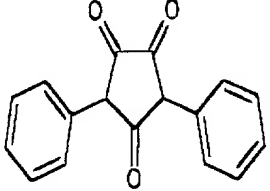
Die Werte geben den prozentualen Anteil der jeweiligen Interaktion im Vergleich zu der mit Wildtyp- β -Catenin an. Durch "-" gekennzeichnete Interaktionen entsprechen , 60 -100 % der Wildtyp-Interaktion.

Tab. 3

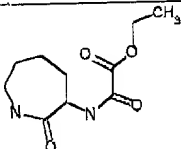
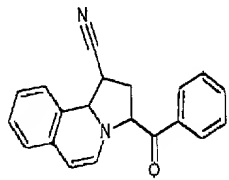
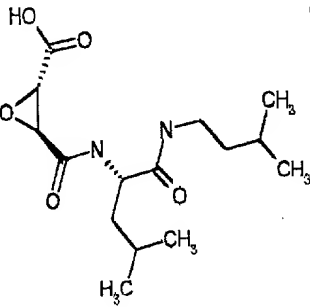
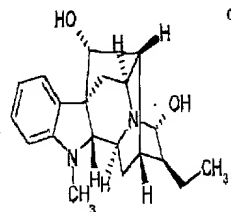
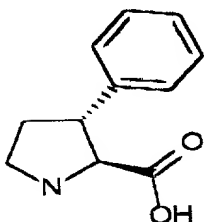
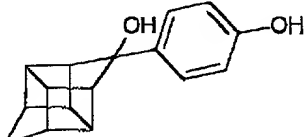
drugs-liste 2000

MOLEKÜLSTRUKTUR	Substanzname	MDL-Nr.
	(-)-ESEROLINE FUMARATE	MFCD00055202
		
	N-ACETYL-MURAMYL-ALA-ISOGLN-OH	MFCD00065478
	3,6-DIHYDROXYBENZONORBORNANE	MFCD00077441
	N-ACETYL-MURAMYL-ALA-D-ISOGLN-OH	MFCD00077638
	(-)-COTININE	MFCD00077696
	CEFAMANDOLE SODIUM SALT	MFCD00082385

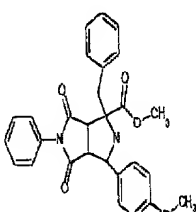
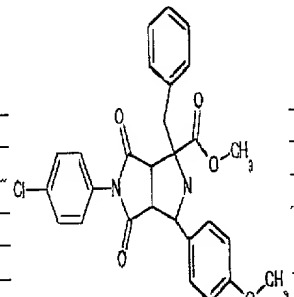
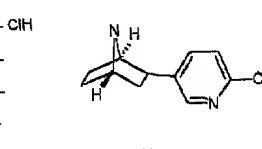
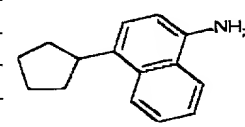
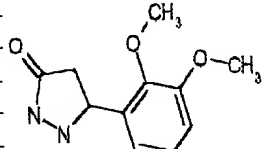
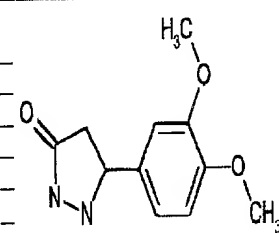
drugs-liste 2000

	(+/-)-NICOTINE-D3 SALICYLATE SALT	MFCD00083448
	BENZYL 1,2-DIPHENYL-4-HYDROXY-5-OXO-3-PYRROLINE-3-CARBOXYLATE	MFCD00088051
	1-(4-FLUOROPHENYL)-3-PHENYLPYRROLIDINE-2,5-DIONE	MFCD00097831
	3-PHENYL-1-(2-THIENYLMETHYL)PYRROLIDINE-2,5-DIONE	MFCD00097832
	N1-(4-[2,5-DIOXO-1-[4-(TRIFLUOROMETHOXY)PHENYL]TETRAHYDRO-1H-PYRROL-3-YL]PHENYL)-2,2,2-TRIFLUOROACETAMIDE	MFCD00100474
	1,3-DIPHENYLCYCLOPENTANE-2,4,5-TRIONE	MFCD00101320

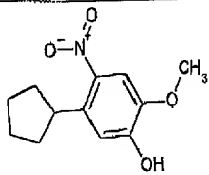
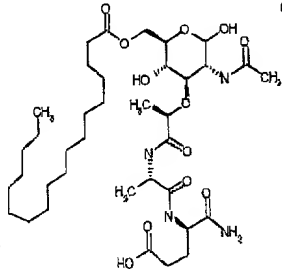
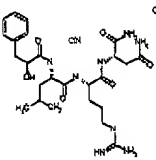
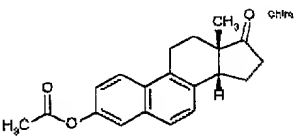
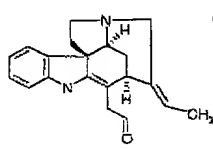
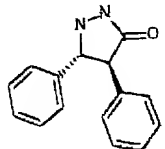
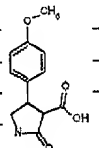
drugs-liste 2000

	ETHYL 2-OXO-2-[(2-OXOAZEPAN-3- YL)AMINO]ACETATE	MFCD00103142
	3-BENZOYL-1,2,3,10B-TETRAHYDRO- PYRROLO(2,1-A)ISOQUINOLINE-1- CARBONITRILE	MFCD00123443
	Chiral L-TRANS-EPOXYSUCCINYL-LEU-3- METHYLBUTYLAMIDE	MFCD00132882
	Chiral AJMALINE	MFCD00135652
	Chiral (2S,3R)-3-PHENYLPYRROLIDINE-2- CARBOXYLIC ACID	MFCD00142984
	Chiral 4-(2-HYDROXYOCTAHYDRO-1,3,4-METHENO- 2H-CYCLOBUTA(CD)PENTALEN-2- YL)PHENOL	MFCD00155174

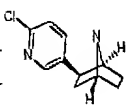
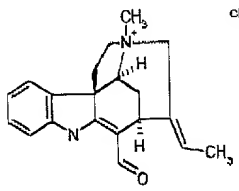
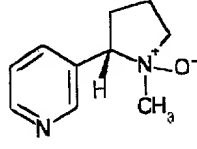
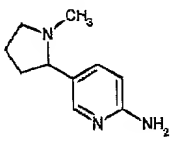
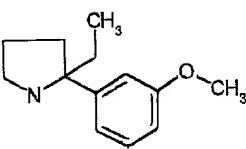
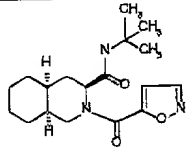
drugs-liste 2000

	METHYL C-4-(4-METHOXYPHENYL)-2-BENZYL-7-PHENYL-6,8-DIOXO-3,7-DIAZABICYCLO[3.3.0]-OCTANE-R-2-CARBOXYLATE	MFCD00202518
	METHYL C-4-(4-METHOXYPHENYL)-2-BENZYL-7-(4-CHLOROPHENYL)-6,8-DIOXO-3,7-DIAZABICYCLO[3.3.0]-OCTANE-R-2-CARBOXYLATE	MFCD00202519
	(+/-)-EPIBATIDINE DIHYDROCHLORIDE	MFCD00210196
	4-CYCLOPENTYL-NAPHTHALEN-1-YLAMINE, HYDROCHLORIDE	MFCD00227852
	5-(2,3-DIMETHOXY-PHENYL)-PYRAZOLIDIN-3-ONE	MFCD00228403
	5-(3,4-DIMETHOXY-PHENYL)-PYRAZOLIDIN-3-ONE	MFCD00229211

drugs-liste 2000

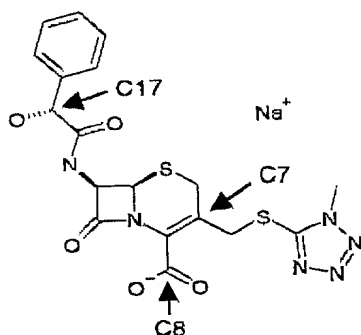
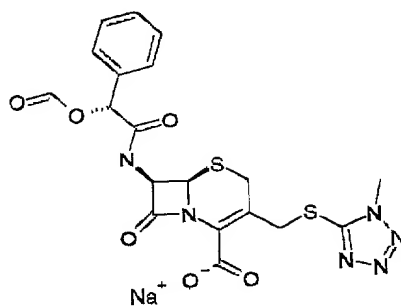
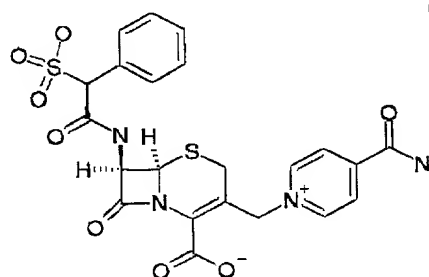
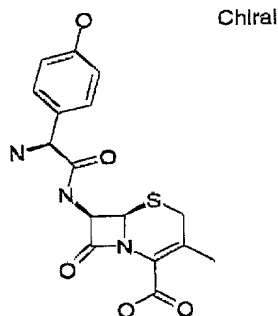
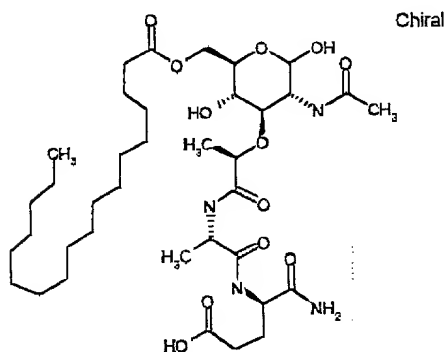
	5-CYCLOPENTYL-2-METHOXY-4-NITRO-PHENOL	MFCD00230901
	AC-(6-O-STEAROYL)-MURAMYL-ALA-D-ISOGLUTAMINE	MFCD00236777
	ANTHO-RNAMIDE	MFCD00236789
	1,3,5(10),6,8(14)-ESTRAPENTAEN-3-OL-17-ONE ACETATE	MFCD00271642
	NORFLUOROCURARINE	MFCD00274483
	4,5-DIPHENYLPYRAZOLIDIN-3-ONE	MFCD00277796
	4-(4-METHOXY-PHENYL)-2-OXO-PYRROLIDINE-3-CARBOXYLIC ACID	MFCD00297824

drugs-liste 2000

	OH	(+)-EPIBATIDINE HYDROCHLORIDE	MFCD00467208
	Cl ⁻ chloral	FLUOROCURARINE CHLORIDE	MFCD00467712
	chloral	(1'S,2'S)-NICOTINE 1'-OXIDE	MFCD00869528
	ClH	SPECS SPECS CIF7952	MFCD01114864
		2-ETHYL-2-(3-METHOXYPHENYL)PYRROLIDINE	MFCD01314146
		N-(TERT-BUTYL)-2-(ISOXAZOL-5-YLCARBONYL)DECAHYDROISOQUINOLINE-3-CARBOXAMIDE	MFCD01314517

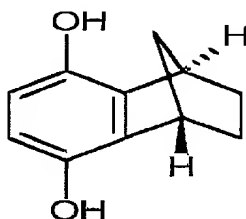
Tab. 4

Positiv-Liste

Molekül-Klasse IA (Inhibitoren vom Cefamandole-Typ)**Cefamandole****Cefamandole-Nafate****Cefsulodin****Cefadroxil****Molekül-Klasse IB****AC-(6-O-STEAROYL)-MURAMYL-ALA-D-ISOGLUTAMINE**

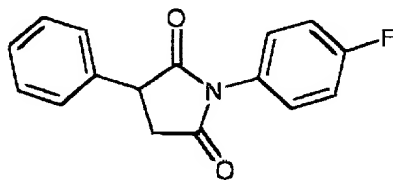
Positiv-Liste

Molekül-Klasse IC

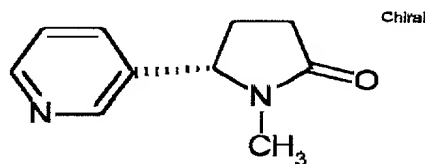


3,6-DIHYDROXYBENZONORBORNANE

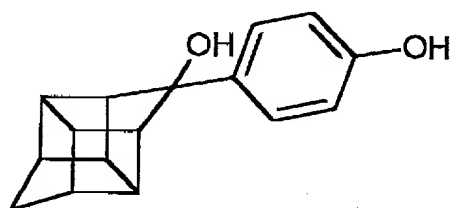
Moleküle mit Modulationswirkung für Molekülklasse I



1-(4-FLUOROPHENYL)-3-PHENYLPYRROLIDINE-2,5-DIONE



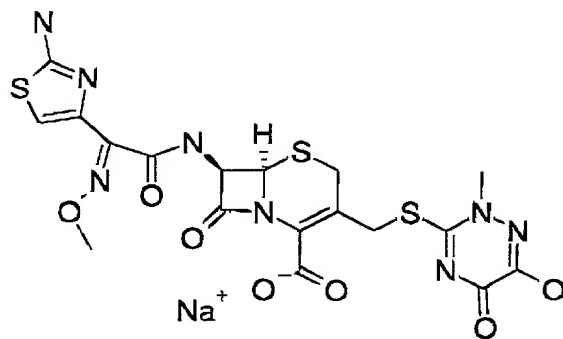
(-)-COTININE



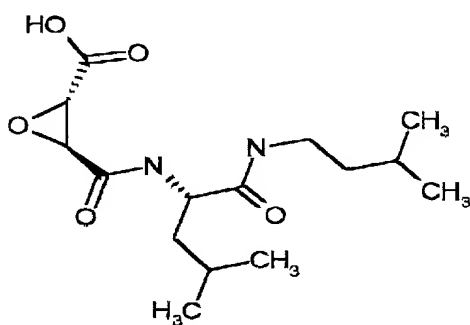
4-(2-HYDROXYOCTAHYDRO-1,3,4-METHENO-2H-CYCLOBUTA(CD)PENTALEN-2-YL)PHENOL

Positiv-Liste

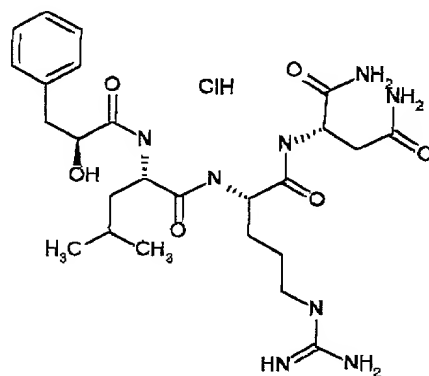
Chiral

**Ceftriaxone**

Chiral

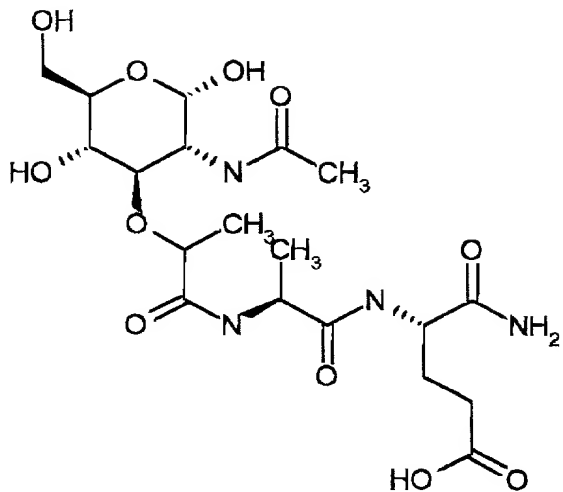
**L-TRANS-EPOXYSUCCINYL-LEU-3-METHYLBUTYLAMIDE**

Chiral

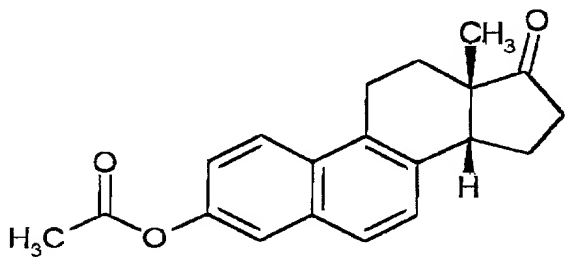
**ANTHO-RNAMIDE**

Positiv-Liste

Chiral

**N-ACETYL-MURAMYL-ALA-ISOGLN-OH**

Chiral

**1,3,5(10),6,8(14BETA)-ESTRAPENTAEN-3-OL-17-ONE ACETATE**